

GenCore version 5.1.4.p5_4578
Copyright (c) 1993 - 2003 CompuGen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 16, 2003, 05:32:21 ; Search time 761.478 Seconds
(without alignments)
18161.411 Million cell updates/sec

Title: US-09-361-619-6
Perfect score: 6141
Sequence: 1 atgatacatctataaagt.....ttgtgcaggtttcacttt 6141

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 2185239 segs, 112599159 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 4370478

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Listing first 45 summaries

Database : N.GeneSeq_101002:*

- 1: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1980.DAT:*
- 2: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1981.DAT:*
- 3: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1982.DAT:*
- 4: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1983.DAT:*
- 5: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1984.DAT:*
- 6: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1985.DAT:*
- 7: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1986.DAT:*
- 8: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1987.DAT:*
- 9: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1988.DAT:*
- 10: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1989.DAT:*
- 11: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1990.DAT:*
- 12: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1991.DAT:*
- 13: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1992.DAT:*
- 14: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1993.DAT:*
- 15: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1994.DAT:*
- 16: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1995.DAT:*
- 17: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1996.DAT:*
- 18: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1997.DAT:*
- 19: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1998.DAT:*
- 20: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA1999.DAT:*
- 21: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA2000.DAT:*
- 22: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA2001A.DAT:*
- 23: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA2001B.DAT:*
- 24: /SIDS2/gcgdata/geneSeq/geneSeqn-emb1/NA2002.DAT:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	6141	100.0	6144	22	AAF59103
2	6141	100.0	6972	22	AAF59102
3	6130	99.8	6971	17	AA138740
4	6130	99.8	6973	22	AAF59100
5	5976	97.3	5979	22	AAF59101
6	5975	97.3	6259	22	AAF59106
7	4101.6	66.8	6159	22	AAF59104
8	3973.4	64.7	62909	22	AAF28545
9	3924.6	63.9	9542	22	AA04029

10	2590	42.2	6942	22	AAF59105	M. catarrhalis les
11	179	2.9	720	22	AAF59129	M. catarrhalis str
12	146.2	2.4	3030	21	AAA92496	Haemophilus influe
13	144.6	2.4	3036	21	AAA92493	Haemophilus influe
14	139.8	2.3	3354	21	AAA92495	Haemophilus influe
15	129.4	2.1	3342	21	AAA92498	Haemophilus influe
16	84.2	1.4	5334	22	ABA89098	Escherichia coli p
17	84.2	1.4	6678	22	ABA89096	Escherichia coli p
18	83.6	1.4	2037	17	AA141477	Haemophilus adhesi
19	83.4	1.4	7486	19	AAV22837	Haemophilus paraga
20	82.8	1.3	3294	17	AA141475	Haemophilus adhesi
21	82	1.3	2079	21	AAA92494	Haemophilus influe
22	81.8	1.3	8930	19	AAV22834	Haemophilus paraga
23	76.4	1.2	3300	21	AAA92497	Haemophilus influe
24	76.4	1.2	7253	21	AAA92499	Haemophilus influe
25	76.4	1.2	7291	17	AA141476	Haemophilus adhesi
26	75	1.2	1830121	17	AA142063	Haemophilus influe
27	65.2	1.1	1757	21	AAA92500	Haemophilus influe
28	60	1.0	60	17	AA138741	Moraxella outer me
29	58.4	1.0	1797	20	AA185794	DNA encoding a sur
30	58.4	1.0	1797	22	AA185790	DNA sequence encod
31	56.8	0.9	1797	20	AA185790	DNA encoding a sur
32	56.8	0.9	1797	22	AA185790	DNA sequence encod
33	56.4	0.9	727	24	ABO29312	Oligonucleotide fo
34	56.4	0.9	727	24	ABO29313	Oligonucleotide fo
35	56.4	0.9	1815	22	AA185791	DNA encoding for N
36	56	0.9	1017	24	ABL53231	Nucleotide sequenc
37	56	0.9	2634	24	ABL53216	Nucleotide sequenc
38	56	0.9	3316	24	ABL53225	Amplified fragment
39	56	0.9	5478	24	ABL53215	Nucleotide sequenc
40	55.8	0.9	1779	20	AA185791	DNA encoding N. me
41	55.2	0.9	1224	22	AA185794	DNA sequence encod
42	55.2	0.9	1302	22	AA185795	DNA sequence encod
43	55.2	0.9	1309	22	AA185796	DNA sequence encod
44	55.2	0.9	1539	22	AA185797	DNA sequence encod
45	55.2	0.9	1770	20	AA185797	DNA encoding a sur

ALIGNMENTS

RESULT 1	AAF59103	standard; DNA; 6144 BP.
ID	AAF59103	
AC	AAF59103	
DT	24-APR-2001	(first entry)
DE	M. catarrhalis strain 4223 genomic 200Kda coding sequence SEQ ID NO:6.	
KW	Moraxella catarrhalis strain 4223; major outer membrane protein;	
KW	200Kda outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; Infection;	
KW	otitis media; detection; ds.	
XX		
OS	Moraxella catarrhalis.	
XX		
PN	WO200107619-A1.	
XX		
PD	01-FEB-2001.	
XX		
PF	26-JUL-2000; 2000MO-CA00870.	
XX		
PR	27-JUL-1999; 99US-0361619.	
XX		
PA	(CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.	
XX		
PI	Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH;	
XX		
DR	WPI; 2001-159722/16.	
XX		
DR	P-PSDB; AAB69134.	
XX		
PT	New nucleic acid encoding Moraxella catarrhalis outer membrane protein,	

PT useful in protective vaccines and for diagnosis -
XX
PS Claim 1, Fig 3A-W; 247pp; English.
XX
CC The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
CC that encodes a 200 kDa outer membrane protein of *Moraxella catarrhalis*.
CC The 200 kDa outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
CC immunogenic compositions and vaccines to protect against *M. catarrhalis*
CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kDa protein
CC genes from other strains, and for diagnostic detection of *M. catarrhalis*.
CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.
CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the *Escherichia coli* host. The present sequence represents the
CC *M. catarrhalis* strain 4223 genomic 200kDa coding sequence, which is
CC given in the exemplification of the present invention.
XX
SQ Sequence 6144 BP; 2014 A; 1403 C; 1399 G; 1328 T; 0 other;
Query Match 100.0%; Score 6141; DB 22; Length 6144;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141: Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 ATGATCACATCTTAAAGTATCATCTTTACAAAGCCACAGCAGACATTTATGCAAGTSCA 60
DB 1 ATGATCACATCTTAAAGTATCATCTTTACAAAGCCACAGCAGACATTTATGCAAGTSCA 60
QY 61 GAGTACGCCAATATCCACAGCAGCGGGGGGGTACTGTCTACAGGCGAAGTTGGCAGT 120
DB 61 GAGTACGCCAATATCCACAGCAGCGGGGGGGTACTGTCTACAGGCGAAGTTGGCAGT 120
QY 121 GTATGCACTCTGAGCTTTGGCCGTATTGGCCGGCTGCTCTGATGATGGTGCAAG 180
DB 121 GTATGCACTCTGAGCTTTGGCCGTATTGGCCGGCTGCTCTGATGATGGTGCAAG 180
QY 181 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTGGTGACAA 240
DB 181 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTGGTGACAA 240
QY 241 AACGAGCAGACGCTCAGGACGCTCCAAAGCGGAGGTATCGAGCATTCGATTGGT 300
DB 241 AACGAGCAGACGCTCAGGACGCTCCAAAGCGGAGGTATCGAGCATTCGATTGGT 300
QY 301 GAAATATCTAAACGACAGCGGGGCTCAAGCCATCGCATCGGTAGTAAATAAACGTGC 360
DB 301 GAAATATCTAAACGACAGCGGGGCTCAAGCCATCGCATCGGTAGTAAATAAACGTGC 360
QY 361 AATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCATC 420
DB 361 AATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCATC 420
QY 421 GGTGGTATGTAAGAGCTAGTGTGATGCTCGATTGGCATCGGTAGTACGATTTACAT 480
DB 421 GGTGGTATGTAAGAGCTAGTGTGATGCTCGATTGGCATCGGTAGTACGATTTACAT 480
QY 481 TTGCTGATCGCATGGTAAATCCTAAACATCCGAAAGGTACTGATTAACGATCTTATT 540
DB 481 TTGCTGATCGCATGGTAAATCCTAAACATCCGAAAGGTACTGATTAACGATCTTATT 540
QY 541 AACGGCCATGCAATTAAGAAATAGAAATAGAAATAGAAATAGAAATAGAAATAGAA 600
DB 541 AACGGCCATGCAATTAAGAAATAGAAATAGAAATAGAAATAGAAATAGAAATAGAA 600
QY 601 CGCACAACCGCAGACGACGCAAGTACTGAGTGGAGCCATGTCTATATGACAGAGGT 660
DB 601 CGCACAACCGCAGACGACGCAAGTACTGAGTGGAGCCATGTCTATATGACAGAGGT 660
QY 661 CATTTTCCAAAGGCTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAGTGGCTATTCCTTGGCAGTG 720
DB 661 CATTTTCCAAAGGCTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAGTGGCTATTCCTTGGCAGTG 720

QY 721 GCTCTTGGCCGACAGCCGAGGGCCCAATCTCAATCGCTATTGTTCTGATGCAACATCT 780
DB 721 GCTCTTGGCCGACAGCCGAGGGCCCAATCTCAATCGCTATTGTTCTGATGCAACATCT 780
QY 781 AGCTGTTGGAGCAGTATAGCCCTTGGTGCAGGACTCTGCTCAGCTACAGGCGAGTAT 840
DB 781 AGCTGTTGGAGCAGTATAGCCCTTGGTGCAGGACTCTGCTCAGCTACAGGCGAGTAT 840
QY 841 GCCCTAGTCAAGGTTCTGTTCTCTCAAGTGTATATTTCTAGACCGGCTATACA 900
DB 841 GCCCTAGTCAAGGTTCTGTTCTCTCAAGTGTATATTTCTAGACCGGCTATACA 900
QY 901 CCAATATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATCAAGGCGGTCCA 960
DB 901 CCAATATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATCAAGGCGGTCCA 960
QY 961 CTTTCATTTGGTAGTAACTATCAACAGCTAAATCATCAATGTCGGTCAAGGTATAT 1020
DB 961 CTTTCATTTGGTAGTAACTATCAACAGCTAAATCATCAATGTCGGTCAAGGTATAT 1020
QY 1021 AAACCCGATGGGCTCAATGTCGACAGCTAGACGGGTGGTGAAGTGGGCTAAGAGGT 1080
DB 1021 AAACCCGATGGGCTCAATGTCGACAGCTAGACGGGTGGTGAAGTGGGCTAAGAGGT 1080
QY 1081 AGAATTAATTTTCAAGGCTGATGATTAACAGTACTGACGTAAATAATAGTTGATATAT 1140
DB 1081 AGAATTAATTTTCAAGGCTGATGATTAACAGTACTGACGTAAATAATAGTTGATATAT 1140
QY 1141 TTAATTAATTAAGTGTGTCAGACAGCAGCAGTAAATATATATATGCTGTGTGTA 1200
DB 1141 TTAATTAATTAAGTGTGTCAGACAGCAGCAGTAAATATATATATGCTGTGTGTA 1200
QY 1201 AAAGAGCTGATTAATAGTGGTCTGAAGTTAACTGTTAACTTAAACATCTTACT 1260
DB 1201 AAAGAGCTGATTAATAGTGGTCTGAAGTTAACTGTTAACTTAAACATCTTACT 1260
QY 1261 GAGGTGAATACACTTACTTAATATGTCACAAACAGTAAAGTAGTAGTAGTAGT 1320
DB 1261 GAGGTGAATACACTTACTTAATATGTCACAAACAGTAAAGTAGTAGTAGTAGT 1320
QY 1321 ACTACAGCTGAATTAATAGTATAGTATTAACCTTTACCCAGCCCATACAGGCAATCA 1380
DB 1321 ACTACAGCTGAATTAATAGTATAGTATTAACCTTTACCCAGCCCATACAGGCAATCA 1380
QY 1381 AGCACAAGCAAAACCGTCTATAGCGTTAATGAGGTGAAGTTACTAATATGCAAGAA 1440
DB 1381 AGCACAAGCAAAACCGTCTATAGCGTTAATGAGGTGAAGTTACTAATATGCAAGAA 1440
QY 1441 ACAGCAGCAATCGCAGTACTGATTAATACAGAGTAAATTTGGCTTCTCGAGATGCT 1500
DB 1441 ACAGCAGCAATCGCAGTACTGATTAATACAGAGTAAATTTGGCTTCTCGAGATGCT 1500
QY 1501 GATGTTGATGAAAAACAAGCAGCATATTTGATTAATAAACAATTAAGTGGTATG 1560
DB 1501 GATGTTGATGAAAAACAAGCAGCATATTTGATTAATAAACAATTAAGTGGTATG 1560
QY 1561 GCAATTTACATAGACAAATGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
DB 1561 GCAATTTACATAGACAAATGAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
QY 1621 GGTAGCAGTCTAAAGATGCGTTACATCGAAGCAGTCAAGGCGCCCAAGCTTACTTTA 1680
DB 1621 GGTAGCAGTCTAAAGATGCGTTACATCGAAGCAGTCAAGGCGCCCAAGCTTACTTTA 1680
QY 1681 AACGAGGCGCTGGCATCAGTGTACACACCTTACTAATATATGATGATGATGATGAT 1740
DB 1681 AACGAGGCGCTGGCATCAGTGTACACACCTTACTAATATATGATGATGATGATGAT 1740
QY 1741 AATGTTACCGCCCAACTTAACATTTGGGCTGAAGAACCAACGAGCTTAACAGTATG 1800
DB 1741 AATGTTACCGCCCAACTTAACATTTGGGCTGAAGAACCAACGAGCTTAACAGTATG 1800

QY 1801 ACTAGTAAATTTAGTTAAGGTAAGTGTAGCAACAAATAGCTTACCTACCGCGAA 1860
 Db 1801 ACTAGTAAATTTAGTTAAGGTAAGTGTAGCAACAAATAGCTTACCTACCGCGAA 1860
 QY 1861 CATTGGCAAGTATCTTAATGAAGTCAATGCAAGCGCTGACAGTGTCTTACAAGCTTT 1920
 Db 1861 CATTGGCAAGTATCTTAATGAAGTCAATGCAAGCGCTGACAGTGTCTTACAAGCTTT 1920
 QY 1921 ACCGTTAAGAGAGAGATGATGACGCAACGCTATACCGTGGCTTAAGATACGACA 1980
 Db 1921 ACCGTTAAGAGAGAGATGATGACGCAACGCTATACCGTGGCTTAAGATACGACA 1980
 QY 1981 AAAAAAGCGCGAGTCAGATCTTAAAACTCAAGTAAAAAGGTTAAACGGTGTCT 2040
 Db 1981 AAAAAAGCGCGAGTCAGATCTTAAAACTCAAGTAAAAAGGTTAAACGGTGTCT 2040
 QY 2041 ACCAAAAAAGATGTACGTTACCTTTGGGCTTACCAAGATAGCGGTCTGACATTTGGC 2100
 Db 2041 ACCAAAAAAGATGTACGTTACCTTTGGGCTTACCAAGATAGCGGTCTGACATTTGGC 2100
 QY 2101 AAAAGCACCTTAACAGCATGCTTGAATGTAAGTAAAGTAAACGAAATCCAAATC 2160
 Db 2101 AAAAGCACCTTAACAGCATGCTTGAATGTAAGTAAAGTAAACGAAATCCAAATC 2160
 QY 2161 GGTGCTAATGGCATTAAATTTACTAATGTGAATGTAATCCAGTACTGGCATTGCA 2220
 Db 2161 GGTGCTAATGGCATTAAATTTACTAATGTGAATGTAATCCAGTACTGGCATTGCA 2220
 QY 2221 AATACCGCTCGCATTTACGAGATATAAATTTGGCTTGTCTGTATGTGTGACATTTGAT 2280
 Db 2221 AATACCGCTCGCATTTACGAGATATAAATTTGGCTTGTCTGTATGTGTGACATTTGAT 2280
 QY 2281 ACAACAACCTTATCTTGATCAAGACATACAAAGTGGCAATGTGAATTTAAGTTACCAAC 2340
 Db 2281 ACAACAACCTTATCTTGATCAAGACATACAAAGTGGCAATGTGAATTTAAGTTACCAAC 2340
 QY 2341 ACTGGCATTAAACGAGTGTGAAGGCCATCAGAGGCTGTCCCAACACTGCTTACCAT 2400
 Db 2341 ACTGGCATTAAACGAGTGTGAAGGCCATCAGAGGCTGTCCCAACACTGCTTACCAT 2400
 QY 2401 GCGGATCAAGATGAGCGGCAACATAGACCTGGGCAATACATCCAGACAAAGCAATCC 2460
 Db 2401 GCGGATCAAGATGAGCGGCAACATAGACCTGGGCAATACATCCAGACAAAGCAATCC 2460
 QY 2461 AACGCTGCCAGATTATATATATTAATTAACAGGCTTAACCTTAATAAATAATTAACAAC 2520
 Db 2461 AACGCTGCCAGATTATATATATTAATTAACAGGCTTAACCTTAATAAATAATTAACAAC 2520
 QY 2521 CCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTGACTTGGCAATGGCAATGCCACAC 2580
 Db 2521 CCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTGACTTGGCAATGGCAATGCCACAC 2580
 QY 2581 GCCACAGTAAACCATGATACCGCTTAACAAACAGTAAAGTGTATATGATGTGAATGTG 2640
 Db 2581 GCCACAGTAAACCATGATACCGCTTAACAAACAGTAAAGTGTATATGATGTGAATGTG 2640
 QY 2641 GATGATACAAACATTCATTAACAGGCACTGATGACATTAATAAATAATTTGGCGCAAAAC 2700
 Db 2641 GATGATACAAACATTCATTAACAGGCACTGATGACATTAATAAATAATTTGGCGCAAAAC 2700
 QY 2701 ACCAAATGTAACAAACAGTGTCTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTA 2760
 Db 2701 ACCAAATGTAACAAACAGTGTCTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTAATGTA 2760
 QY 2761 AGTGATGAAGATGCTTTGTTAAAGCAAGATGCGGCAAAATCTTAACACCTTACG 2820
 Db 2761 AGTGATGAAGATGCTTTGTTAAAGCAAGATGCGGCAAAATCTTAAACACCTTACG 2820
 QY 2821 AAGGAAATTCACACGCAAGGCAAGACAGACAGCGGCTTAAACCTTTACCGTTAA 2880
 Db 2821 AAGGAAATTCACACGCAAGGCAAGACAGACAGCGGCTTAAACCTTTACCGTTAA 2880
 QY 2881 AAGGTAGATGAATAATATGCTGATGAGCGCCAAACGCTATCACCGTGGGTCAAAAGAAC 2940

Db 2881 AAGGTAGATGAATAATATGCTGATGAGCGCCAAACGCTATCACCGTGGGTCAAAAGAAC 2940
 QY 2941 GCATAATATCAAGTCAACACCCCTTAACACTCAAAAGTGAAGGCTTTATATTAATCAAC 3000
 Db 2941 GCATAATATCAAGTCAACACCCCTTAACACTCAAAAGTGAAGGCTTTATATTAATCAAC 3000
 QY 3001 GACAAAAATGTAGGTACCTTTGGCTTAAACACCAAGCGGCTTTAAAGCGGCAAA 3060
 Db 3001 GACAAAAATGTAGGTACCTTTGGCTTAAACACCAAGCGGCTTTAAAGCGGCAAA 3060
 QY 3061 AGCACCTTAACGAGCGGTGTGTCTATTTAAAAACCCACTGTGAGCAACAAATCCAA 3120
 Db 3061 AGCACCTTAACGAGCGGTGTGTCTATTTAAAAACCCACTGTGAGCAACAAATCCAA 3120
 QY 3121 GTCGGTGTGATGCGCTGAAGTTTGCAGGTTAAATTAATGATGTTAGTGTGCGC 3180
 Db 3121 GTCGGTGTGATGCGCTGAAGTTTGCAGGTTAAATTAATGATGTTAGTGTGCGC 3180
 QY 3181 ATTGATGGCACAACCTGCAATTAACAGATGAATAATGGCTTTACTGGGCAATATGCTCA 3240
 Db 3181 ATTGATGGCACAACCTGCAATTAACAGATGAATAATGGCTTTACTGGGCAATATGCTCA 3240
 QY 3241 CTTGATTAAGCAACCCCACTTAAGCAAGAGCGGCTTAACGAGGTGTAAGAAATTT 3300
 Db 3241 CTTGATTAAGCAACCCCACTTAAGCAAGAGCGGCTTAACGAGGTGTAAGAAATTT 3300
 QY 3301 ACCAATTCATCAAGTGTGATGATGCGCAAAACAGCATGATGCTGTGACAGCGGCAAG 3360
 Db 3301 ACCAATTCATCAAGTGTGATGATGCGCAAAACAGCATGATGCTGTGACAGCGGCAAG 3360
 QY 3361 ATTATGATTTAAAAACCGAATTTGAAGCAAAATGAGAGTACTGCCAAACAGCACAA 3420
 Db 3361 ATTATGATTTAAAAACCGAATTTGAAGCAAAATGAGAGTACTGCCAAACAGCACAA 3420
 QY 3421 AACTCATACAGATTTCTCAGTAGAGATGAACAAAGTAAATTAATTAATTAATTAATTA 3480
 Db 3421 AACTCATACAGATTTCTCAGTAGAGATGAACAAAGTAAATTAATTAATTAATTAATTA 3480
 QY 3481 CCTTACTCCAGTATGACACCTCAAGACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3540
 Db 3481 CCTTACTCCAGTATGACACCTCAAGACCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 3540
 QY 3541 GGCATTACCAACCAAGTAAATTAAGTGTGTCGTGGGCTTAACCAACCAAGGCG 3600
 Db 3541 GGCATTACCAACCAAGTAAATTAAGTGTGTCGTGGGCTTAACCAACCAAGGCG 3600
 QY 3601 TTAACCAAGCTTAAGCTGACCGGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3660
 Db 3601 TTAACCAAGCTTAAGCTGACCGGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3660
 QY 3661 CAAAATGTCTCAAAATACCATCACAGGCACTAAGCAACCTTACTTAATGTATTAACATGAT 3720
 Db 3661 CAAAATGTCTCAAAATACCATCACAGGCACTAAGCAACCTTACTTAATGTATTAACATGAT 3720
 QY 3721 AAGGTAGGCTAGCAGACAGAGAGGCAATATTAATCAAAAGCAACCAACCCGT 3780
 Db 3721 AAGGTAGGCTAGCAGACAGAGAGGCAATATTAATCAAAAGCAACCAACCCGT 3780
 QY 3781 GCGGCAAGCATTTGTATGTGCTAAGCGGCTTTAACTTGAAGGCAATGTGTAAGCG 3840
 Db 3781 GCGGCAAGCATTTGTATGTGCTAAGCGGCTTTAACTTGAAGGCAATGTGTAAGCG 3840
 QY 3841 GTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACTTTGGCGATGGCAATGGCACACCGCT 3900
 Db 3841 GTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACTTTGGCGATGGCAATGGCACACCGCT 3900
 QY 3901 AAGGTACCTATGATGACACAAACAGTAAAGTGTCTATGATGATGATGATGATGATGAT 3960
 Db 3901 AAGGTACCTATGATGACACAAACAGTAAAGTGTCTATGATGATGATGATGATGATGAT 3960
 QY 3961 GATACACCAATTAAGTAAAGTAAAGAACTTGGCGTAAAGCAACCAATTTGACCACT 4020

Dh 3961 GATGACACCATGTAAGTTAAAGATAAAAACTGGCGTAAAAAACCCACACATGACCAGT 4020
Qy 4021 ACAGGACAGTGTGTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGCCCTGTGC 4080
Dh 4021 ACAGGACAGTGTGTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGCCCTGTGC 4080
Qy 4081 AAGGCCAGTATATCGTTGGTCACTTAACACCTTATCTGGCGACATCCAAACTGCCAAA 4140
Dh 4081 AAGGCCAGTATATCGTTGGTCACTTAACACCTTATCTGGCGACATCCAAACTGCCAAA 4140
Qy 4141 GGGGCAAGCCAGCAAGCAACACTGACAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATAGGTCATC 4200
Dh 4141 GGGGCAAGCCAGCAAGCAACACTGACAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATAGGTCATC 4200
Qy 4201 TATGACAGTACCGGATACAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGCAGAGTGGATAAAAAC 4260
Dh 4201 TATGACAGTACCGGATACAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGCAGAGTGGATAAAAAC 4260
Qy 4261 AAGAAAGTTGGCAAAAGACAAACTGTGCGCCAAAGCCCAAGCCGATGGCATTGGCT 4320
Dh 4261 AAGAAAGTTGGCAAAAGACAAACTGTGCGCCAAAGCCCAAGCCGATGGCATTGGCT 4320
Qy 4321 CAATGATATGCAATATGATCATTAAACAAGACAGTAAATGATGCCAATAAAAAGCAA 4380
Dh 4321 CAATGATATGCAATATGATCATTAAACAAGACAGTAAATGATGCCAATAAAAAGCAA 4380
Qy 4381 GGCATCAATGAMGACACAGCCCTTGTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTGTGATACAA 4440
Dh 4381 GGCATCAATGAMGACACAGCCCTTGTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTGTGATACAA 4440
Qy 4441 ACCAAAAAGCCGCGAGTAACTGTGGTGATTTAAATGCGCTTGGCCAAACACGCGTGCAC 4500
Dh 4441 ACCAAAAAGCCGCGAGTAACTGTGGTGATTTAAATGCGCTTGGCCAAACACGCGTGCAC 4500
Qy 4501 TTTCGAGGGGATTAAGGACACAAAGGCTAAAAAACTGGGCGAGACTTTGACCATAAAGGT 4560
Dh 4501 TTTCGAGGGGATTAAGGACACAAAGGCTAAAAAACTGGGCGAGACTTTGACCATAAAGGT 4560
Qy 4561 GGGCAACAGACACCAATTAAGCTAAACGATTAATACATCGGTGTGATAGCAGTACTGAT 4620
Dh 4561 GGGCAACAGACACCAATTAAGCTAAACGATTAATACATCGGTGTGATAGCAGTACTGAT 4620
Qy 4621 GGGTTCACCTGTCAAACTTGGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGCAGTGGC 4680
Dh 4621 GGGTTCACCTGTCAAACTTGGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGCAGTGGC 4680
Qy 4681 ACCAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTGTAGACCTCAACGCGGTCAAGCCAAAGCAAA 4740
Dh 4681 ACCAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTGTAGACCTCAACGCGGTCAAGCCAAAGCAAA 4740
Qy 4741 ACCCTGTGCTAACTGCCCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTCACTAGTAATGTGGGC 4800
Dh 4741 ACCCTGTGCTAACTGCCCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTCACTAGTAATGTGGGC 4800
Qy 4801 AAAGGACAAAAGTACCAGCGCTGCCAATTAACAACGTTAAACGAAGTACGCAACTTG 4860
Dh 4801 AAAGGACAAAAGTACCAGCGCTGCCAATTAACAACGTTAAACGAAGTACGCAACTTG 4860
Qy 4861 TTGGCTGTGTAATGCTGGTGAATGATGATACGCTGACGCAATCAAGTAACTATGGCCGAC 4920
Dh 4861 TTGGCTGTGTAATGCTGGTGAATGATGATACGCTGACGCAATCAAGTAACTATGGCCGAC 4920
Qy 4921 ATCAAAAAAGACCCAAATTCAGTTTCATCATCTAACCGCAGCTGTCATCAAGAGCGACG 4980
Dh 4921 ATCAAAAAAGACCCAAATTCAGTTTCATCATCTAACCGCAGCTGTCATCAAGAGCGACG 4980
Qy 4981 GTACTTGGCGGTAAAGGTAAATAGCATACGCAAAAACTTGCACGTGGTATACAACTG 5040
Dh 4981 GTACTTGGCGGTAAAGGTAAATAGCATACGCAAAAACTTGCACGTGGTATACAACTG 5040
Qy 5041 GGGGTGATTAAGACGCGCAAGCTAAAGGCGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCCAA 5100
Dh 5041 GGGGTGATTAAGACGCGCAAGCTAAAGGCGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCCAA 5100

Qy 5101 AAAGTGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCCACTTATAACGCCGAGGTGACACCAACTAT 5160
Dh 5101 AAAGTGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCCACTTATAACGCCGAGGTGACACCAACTAT 5160
Qy 5161 TTGACCAACAAACCCGACGAGAACCCATTGACAGATAAATGACAAAGTATCCGCTTTC 5220
Dh 5161 TTGACCAACAAACCCGACGAGAACCCATTGACAGATAAATGACAAAGTATCCGCTTTC 5220
Qy 5221 CATGTCACAGTATGGCATCAAGACCTGTGGTACAAAGGGGTAAAGGCAATTTGACTCAAGT 5280
Dh 5221 CATGTCACAGTATGGCATCAAGACCTGTGGTACAAAGGGGTAAAGGCAATTTGACTCAAGT 5280
Qy 5281 GCGTCAGGCAAGCACTAGTGGCGATAGTTTCCAGGCGCAAGGCGATGGTGAAGCCGCC 5340
Dh 5281 GCGTCAGGCAAGCACTAGTGGCGATAGTTTCCAGGCGCAAGGCGATGGTGAAGCCGCC 5340
Qy 5341 GTTGCCATAGGCAAGCAAAACCCAGACAGCAACCAATTCATCCGCAATGCTGATACGCA 5400
Dh 5341 GTTGCCATAGGCAAGCAAAACCCAGACAGCAACCAATTCATCCGCAATGCTGATACGCA 5400
Qy 5401 CAAGCCAGGGCGATCAATCCATGCGCATGGTACAGCAATGGTAAAGGTAAGCAC 5460
Dh 5401 CAAGCCAGGGCGATCAATCCATGCGCATGGTACAGCAATGGTAAAGGTAAGCAC 5460
Qy 5461 TCTGTGCTCATCGGCGACGCCAAGCACTGTTAAAGCTGATTAACAGTTCAGTGTGGTAAAT 5520
Dh 5461 TCTGTGCTCATCGGCGACGCCAAGCACTGTTAAAGCTGATTAACAGTTCAGTGTGGTAAAT 5520
Qy 5521 AACACCAAGTTTACCAGTGCACATCAAAACGATGCTTTGGTGTGGGCAATACATACAC 5580
Dh 5521 AACACCAAGTTTACCAGTGCACATCAAAACGATGCTTTGGTGTGGGCAATACATACAC 5580
Qy 5581 GTGACCGAAAGTAACTCGTGTGCTAGTTCAAACTCTGCATCACTGACAGGACACAC 5640
Dh 5581 GTGACCGAAAGTAACTCGTGTGCTAGTTCAAACTCTGCATCACTGACAGGACACAC 5640
Qy 5641 GCAGGCAACAGCCAAATAATCTGACGCGACAGCAGGTACACACACACAGCAGGTGCA 5700
Dh 5641 GCAGGCAACAGCCAAATAATCTGACGCGACAGCAGGTACACACACACAGCAGGTGCA 5700
Qy 5701 ACCGTTACGGTTAAAGGCTTGTGCGAACAAAGCGGCTGGTGGTCCGCTCGGTGGGC 5760
Dh 5701 ACCGTTACGGTTAAAGGCTTGTGCGAACAAAGCGGCTGGTGGTCCGCTCGGTGGGC 5760
Qy 5761 TCAGTGTGTAAGCCCGATCCAAATGTGGCAGCAGGTGATGATGCGACACAGCAC 5820
Dh 5761 TCAGTGTGTAAGCCCGATCCAAATGTGGCAGCAGGTGATGATGCGACACAGCAC 5820
Qy 5821 GATGCGGTCAATGTAGCGAATGTTACAAAGCCACCAAGCAATTTGCCAACGCAACCAAT 5880
Dh 5821 GATGCGGTCAATGTAGCGAATGTTACAAAGCCACCAAGCAATTTGCCAACGCAACCAAT 5880
Qy 5881 GAGCTTGACATGCTGATTCACCAAAAGCAAAATTAAGGCGCAATGCAAGGATTTCTACGCG 5940
Dh 5881 GAGCTTGACATGCTGATTCACCAAAAGCAAAATTAAGGCGCAATGCAAGGATTTCTACGCG 5940
Qy 5941 ATGGCGATGGCGCATGCCAAGCCCTACATTCCTGGCAGATCCATGTTACCGGGGGT 6000
Dh 5941 ATGGCGATGGCGCATGCCAAGCCCTACATTCCTGGCAGATCCATGTTACCGGGGGT 6000
Qy 6001 ATTGCAACCCCAACAGGTCAAGGTGCGGTGGCAATGGGACATGTTGGAAGCTGTGCGATTAAT 6060
Dh 6001 ATTGCAACCCCAACAGGTCAAGGTGCGGTGGCAATGGGACATGTTGGAAGCTGTGCGATTAAT 6060
Qy 6061 GGTCAATGGGTAAATTAATGATGTTCAAGCGATACCCAAAGGCAATGTAGGGGGGCA 6120
Dh 6061 GGTCAATGGGTAAATTAATGATGTTCAAGCGATACCCAAAGGCAATGTAGGGGGGCA 6120
Qy 6121 GTTGTGCAAGTTTCACTTT 6141
Dh 6121 GTTGTGCAAGTTTCACTTT 6141

RESULT 2
ID AAF59102 standard: DNA: 6972 BP.
XX
AC AAF59102;
XX
XX 24-APR-2001 (first entry)
XX
DE M. catarrhalis strain 4223 genomic 200kda gene SEQ ID NO:5.
XX
XX Moraxella catarrhalis strain 4223; major outer membrane protein;
KM 200kDa outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;
XX otitis media; detection; ds.
XX
OS Moraxella catarrhalis.
XX
PN WO200107619-A1.
XX
PD 01-FEB-2001.
XX
PF 26-JUL-2000; 2000WO-CA00870.
XX
PR 27-JUL-1999; 99US-0361619.
XX
PA (CONN-) CONNUGHT LAB LTD.
XX
PI Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH;
XX
XX WPI: 2001-159722/16.
DR P-PSDB; AAB69134.
XX
PT New nucleic acid encoding Moraxella catarrhalis outer membrane protein,
XX useful in protective vaccines and for diagnosis -
XX
XX Claim 1; Fig 3A-W; 247pp: English.
XX
PS The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
CC that encodes a 200 kDa outer membrane protein of Moraxella catarrhalis.
CC The 200 kDa outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
CC immunogenic compositions and vaccines to protect against M. catarrhalis
CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kDa protein
CC genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrhalis.
CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.
CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the Escherichia coli host. The present sequence represents the
CC M. catarrhalis strain 4223 genomic 200kda gene, which is given in the
CC exemplification of the present invention.
XX
SQ Sequence 6972 BP; 2265 A; 1555 C; 1532 G; 1620 T; 0 other;
Query Match 100.0%; Score 6141; DB 22; Length 6972;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 ATGATACATCTATTAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGGCACATTATGGCAGTGGCA 60
DB 542 ATGATACATCTATTAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGGCACATTATGGCAGTGGCA 601
QY 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCGGGGGGGGAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAGT 120
DB 602 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCGGGGGGGGAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAGT 661
QY 121 GATGACACTGTGAGCTTGGCCGCTATTTGGCGGCTGCTGCTCGATCGGTGCAAG 180
DB 662 GATGACACTGTGAGCTTGGCCGCTATTTGGCGGCTGCTGCTCGATCGGTGCAAG 721
QY 181 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAACATTCGCAATTTGGTGAACA 240
|||||

DB 722 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAACATTCGCAATTTGGTGAACA 781
QY 241 AACACGCCAAGACGCTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGTGATGAGCCATTCGTATTGGG 300
DB 782 AACACGCCAAGACGCTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGTGATGAGCCATTCGTATTGGG 841
QY 301 GAAATGCTAACGACAGGCGGCTCAAGCCATCGCATGGTGTAGTATTAATAAGCTGC 360
DB 842 GAAATGCTAACGACAGGCGGCTCAAGCCATCGCATGGTGTAGTATTAATAAGCTGC 901
QY 361 AATGAGACGATTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGATCCATCCCATC 420
DB 902 AATGAGACGATTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGATCCATCCCATC 961
QY 421 GGTGGATGATTAAGGCTGTGTGATGCTGATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGAT 480
DB 962 GGTGGATGATTAAGGCTGTGTGATGCTGATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGATTC 1021
QY 481 TTGCTTGATCAGCATGGTATCTTAAACATCCGAAGGTACTGTGATTAAGATCTTAT 540
DB 1022 TTGCTTGATCAGCATGGTATCTTAAACATCCGAAGGTACTGTGATTAAGATCTTAT 1081
QY 541 AACGCCATGCACTATTAAAAAAGATACGAGCTCAAGAGATTAAGTAAATATAGA 600
DB 1082 AACGCCATGCACTATTAAAAAAGATACGAGCTCAAGAGATTAAGTAAATATAGA 1141
QY 601 CGCACAACCGCAGCGGACGACGCTAGCTAGTGGGACCATGTCATTTGACAGGGT 660
DB 1142 CGCACAACCGCAGCGGACGACGCTAGCTAGTGGGACCATGTCATTTGACAGGGT 1201
QY 661 CATTTTCCAAACGCTTTGGTATACAGGGCAACAGCTAAAGTGCCTATTCTTGGCAGTG 720
DB 1202 CATTTTCCAAACGCTTTGGTATACAGGGCAACAGCTAAAGTGCCTATTCTTGGCAGTG 1261
QY 721 GGTCTTGGCCGACAGCGGAGGCAATCTACAAATGCTATTGTTCTGATGCAACATCT 780
DB 1262 GGTCTTGGCCGACAGCGGAGGCAATCTACAAATGCTATTGTTCTGATGCAACATCT 1321
QY 781 AGCTCGTGGAGCGATAGCCCTTGGGACGATCTGCTGACGATGACGAGGCGAGTAT 840
DB 1322 AGCTCGTGGAGCGATAGCCCTTGGGACGATCTGCTGACGATGACGAGGCGAGTAT 1381
QY 841 GCCCTAGGTCAGAGTCTGTTGCTACCTCAGAGTATTAATTTCTAGACCGGCTATACA 900
DB 1382 GCCCTAGGTCAGAGTCTGTTGCTACCTCAGAGTATTAATTTCTAGACCGGCTATACA 1441
QY 901 CCAAAATACCGAGCAGTACAGCCCAAGTTCAAGCCACCAATATACGAAGCGGCTCCA 960
DB 1442 CCAAAATACCGAGCAGTACAGCCCAAGTTCAAGCCACCAATATACGAAGCGGCTCCA 1501
QY 961 CTTTCCATTTGGTATGATCTATCAAAAGCTAAATCATCATGTCGGTGGAGGTATAT 1020
DB 1502 CTTTCCATTTGGTATGATCTATCAAAAGCTAAATCATCATGTCGGTGGAGGTATAT 1561
QY 1021 AAAACCGATCGGTCAATGTGGCAGACGCTAGAAAGCGGTGTGTAAGTGGCTAAGAGACGT 1080
DB 1562 AAAACCGATCGGTCAATGTGGCAGACGCTAGAAAGCGGTGTGTAAGTGGCTAAGAGACGT 1621
QY 1081 AGAATTAATTTTACAGGCTGATGATACAGTACGACGTAAATAATAGTTGGATATACT 1140
DB 1622 AGAATTAATTTTACAGGCTGATGATACAGTACGACGTAAATAATAGTTGGATATACT 1681
QY 1141 TTAATCTATTAAGGTGTGAGAGACCAAGCATTAACGATTAATATATCGGTGTGTA 1200
DB 1682 TTAATCTATTAAGGTGTGAGAGACCAAGCATTAACGATTAATATATCGGTGTGTA 1741
QY 1201 AAAGAGGCTGATATAGTGTCTGAAGTAACTTCTTAAACTTAAACAATCTTACT 1260
DB 1742 AAAGAGGCTGATATAGTGTCTGAAGTAACTTCTTAAACTTAAACAATCTTACT 1801
QY 1261 GAGGTGAATACAACTACATTAATGCCACAACCAACACTTAAGTAGTACTAGTACT 1320
DB 1802 GAGGTGAATACAACTACATTAATGCCACAACCAACACTTAAGTAGTACTAGTACT 1861
|||||

Qy	1321	ACTACAGCTGAATTTATTGAAGTGAATAGTTTAAACCTTTACCCAGGCCAAATACAGCAGATCA	1380
Dp	1862	ACTACAGCTGAATTTATTGAAGTGAATAGTTTAAACCTTTACCCAGGCCAAATACAGCAGATCA	1921
Qy	1381	AGCACAAGCAAAACCGCTATATGGCGTTAATGGGGTGAAGTTTACTAATAATATGACGAATA	1440
Dp	1922	AGCACAAGCAAAACCGCTATATGGCGTTAATGGGGTGAAGTTTACTAATAATATGACGAATA	1981
Qy	1441	ACAGCAGCAATCGGCACTACTGCTATTTACCAAGATTAATAATTGGCTTTGCTCGAGATGCT	1500
Dp	1982	ACAGCAGCAATCGGCACTACTGCTATTTACCAAGATTAATAATTGGCTTTGCTCGAGATGCT	2041
Qy	1501	GATGTTTANTGAAAAACAAGCAACCATATTTTGGATTAATAAAAAACAATTAAAGTGGAGTGT	1560
Dp	2042	GATGTTTANTGAAAAACAAGCAACCATATTTTGGATTAATAAAAAACAATTAAAGTGGAGTGT	2101
Qy	1561	GCAATTAACCATAGACAAATGGCATTTGATGCAAGGTAATAAAAAGATCAGTAATCTTGCCAA	1620
Dp	2102	GCAATTAACCATAGACAAATGGCATTTGATGCAAGGTAATAAAAAGATCAGTAATCTTGCCAA	2161
Qy	1621	GGTAGCAGTGTCAACGATGGCGTTTACCATCGAAGCTCAAGCCGCAACCGTACATTTA	1680
Dp	2162	GGTAGCAGTGTCAACGATGGCGTTTACCATCGAAGCTCAAGCCGCAACCGTACATTTA	2221
Qy	1681	AACGCAAGCGCTGGCATCACTGTCAACACCTACTGAAATATCAGTTGATGCTAAGAGTGGC	1740
Dp	2222	AACGCAAGCGCTGGCATCACTGTCAACACCTACTGAAATATCAGTTGATGCTAAGAGTGGC	2281
Qy	1741	AATGTTTACCGCCCCCACTTCAACACTTTGGCGGTGAACACCGACGCTTAACAGATGATGC	1800
Dp	2282	AATGTTTACCGCCCCCACTTCAACACTTTGGCGGTGAACACCGACGCTTAACAGATGATGC	2341
Qy	1801	ACTAGTGATAAATTTTACTGTTTAAAGGCTAGTGGTACGACAAATAGCTTATGTTACCGCGAA	1860
Dp	2342	ACTAGTGATAAATTTTACTGTTTAAAGGCTAGTGGTACGACAAATAGCTTATGTTACCGCGAA	2401
Qy	1861	CATTTGGCAAGCTATCTTAATGAAGTCAATCGAAGCGCTGACAGTGTCTTCAAAAGCTTT	1920
Dp	2402	CATTTGGCAAGCTATCTTAATGAAGTCAATCGAAGCGCTGACAGTGTCTTCAAAAGCTTT	2461
Qy	1921	ACGCTTAAAGAAAGACGATGATGACGCGCAACGCGTATACCGTGGCTAAAGATACGACA	1980
Dp	2462	ACGCTTAAAGAAAGACGATGATGACGCGCAACGCGTATACCGTGGCTAAAGATACGACA	2521
Qy	1981	AAAAATCCGCGCGCAGTCAAGCTTTAAACTCAAAAGTAAAAAGCGTCAAGCGTTGCT	2040
Dp	2522	AAAAATCCGCGCGCAGTCAAGCTTTAAACTCAAAAGTAAAAAGCGTCAAGCGTTGCT	2581
Qy	2041	ACCAAAAAACATGGTACGGTTTACTCTTGGGCTTACGCCAAGATACGGGCTGACCATTTGGC	2100
Dp	2582	ACCAAAAAACATGGTACGGTTTACTCTTGGGCTTACGCCAAGATACGGGCTGACCATTTGGC	2641
Qy	2101	AAAAGCACCCTTAAACAACGATGCGCTTGACTGTTTAAAGATACCAACGAACAATCCAAGTC	2160
Dp	2642	AAAAGCACCCTTAAACAACGATGCGCTTGACTGTTTAAAGATACCAACGAACAATCCAAGTC	2701
Qy	2161	GGTGCTAATGGCATTAATTTTACTAATGTGAATGCTAGTAAATCCAGGTACTGCGCATTTGCA	2220
Dp	2702	GGTGCTAATGGCATTAATTTTACTAATGTGAATGCTAGTAAATCCAGGTACTGCGCATTTGCA	2761
Qy	2221	AATACCGCTGCGCATTAACCAAGATTAATAATTGGCTTTGCGGTTCGATGGTGCAGTTGAT	2280
Dp	2762	AATACCGCTGCGCATTAACCAAGATTAATAATTGGCTTTGCGGTTCGATGGTGCAGTTGAT	2821
Qy	2281	ACAAACAACACCTTATCTTGTATCAAGCAAGCTCAAAAGTTGGCAATGTTAAGATTAACCAAC	2340
Dp	2822	ACAAACAACACCTTATCTTGTATCAAGCAAGCTCAAAAGTTGGCAATGTTAAGATTAACCAAC	2881
Qy	2341	ACTGGCATTTAAACGAGTGGTAAAGCCATCAACAGGCGTGTCCCAACAACCTCGCTAGCATT	2400
Dp	2882	ACTGGCATTTAAACGAGTGGTAAAGCCATCAACAGGCGTGTCCCAACAACCTCGCTAGCATT	2941

QY	2401	GGGATTCAAAGTAGCCGCAACATAGACTGGGCAATACATTCCAAAGCAACAAATCC	2460
Db	2942	GGCGATCAAAGTAGCGGCAACATAGAACTGGGCAATACAAATCCAAAGACAAATCC	3001
QY	2461	AACCGTCCAGATTAAATGATATATTAATACAGCGTTTAACCTAAAAAAATATACAAAC	2520
Db	3002	AACGCTGCCAGATTAAATGATATATTAATATACAGGCTTTAACCTAAAAAAATATACAAAC	3061
QY	2521	CCCATTTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACACC	2580
Db	3062	CCCATTTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTGCTTTGCCAATGGCAATGGCACACACC	3121
QY	2581	GGCACAAGTAACCCATGATACCGCTAACCAAAACAGTAAGGGATATATGATGCAATGTG	2640
Db	3122	GGCACAAGTAACCCATGATACCGCTAACCAAAACAGTAAGGGATATATGATGCAATGTG	3181
QY	2641	GATGATACAAACATTCACTTAACAGGCACTGATGACAAATAAAAACTTGGCGTCAAAACC	2700
Db	3182	GATGATACAAACATTCACTTAACAGGCACTGATGACAAATAAAAACTTGGCGTCAAAACC	3241
QY	2701	ACCAACAGCAACAAACAAAGGCTAATAGGTAAATACAGCACTAATCTTAAATGTTAAAGCT	2760
Db	3242	ACCAACAGCAACAAACAAAGGCTAATAGGTAAATAGGTAAATACCTTTAATGTTAAAGCT	3301
QY	2761	AGTGATGAAGATGCCCTTGTTAACGCCAAAGACATCGCGGAAAACTTAACACCCCTAGCC	2820
Db	3302	AGTGATGAAGATGCCCTTGTTAACGCCAAAGACATCGCGGAAAACTTAACACCCCTAGCC	3361
QY	2821	AMGSAATTTCCACACGACAAAGGCGACACAGACGCGCGCTAACAACTTTACGGTTAAA	2880
Db	3362	AMGSAATTTCCACACGACAAAGGCGACACAGACGCGCGCTAACAACTTTACGGTTAAA	3421
QY	2881	AAGGTAGATGAATAATTAATGCTGATAGCGCCAAAGCCCATCACCGTGGGTCAAAAGAAC	2940
Db	3422	AAGGTAGATGAATAATTAATGCTGATAGCGCCAAAGCCCATCACCGTGGGTCAAAAGAAC	3481
QY	2941	GCAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAAAGGTGAAAAACGGTCTTAATATTTAAACC	3000
Db	3482	GCAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAAAGGTGAAAAACGGTCTTAATATTTAAACC	3541
QY	3001	GACAAAAATGGTAGCGGTTAACCTTTGGCATTTAAACACACACACGGTCTTTAAAGCCGGCAAA	3060
Db	3542	GACAAAAATGGTAGCGGTTAACCTTTGGCATTTAAACACACACGGTCTTTAAAGCCGGCAAA	3601
QY	3061	AGCACCTTAACAGACGGTGGCTTGTCTATTTAAAAACCCCACTGGTGAAGCAAAATCCAA	3120
Db	3602	AGCACCTTAACAGACGGTGGCTTGTCTATTTAAAAACCCCACTGGTGAAGCAAAATCCAA	3661
QY	3121	GTCCGTGCGTAATGGCGGTGAAGTTGGCCAAAGGTAAATATATGGTGTGGTGGTGGGC	3180
Db	3662	GTCCGTGCGTAATGGCGGTGAAGTTGGCCAAAGGTAAATATATGGTGTGGTGGTGGGC	3721
QY	3181	ATTGATGGCACAACTCGCATTTACAGAGATGAATAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCA	3240
Db	3722	ATTGATGGCACAACTCGCATTTACAGAGATGAATAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCA	3781
QY	3241	CTTGATTAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGCGCATTTAACGCAAGTGGTAAAAAGATT	3300
Db	3782	CTTGATTAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGCGCATTTAACGCAAGTGGTAAAAAGATT	3841
QY	3301	ACCAACATTTCAATCGTAGGAGATTGGCCCAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGGGGCGAAG	3360
Db	3842	ACCAACATTTCAATCGTAGGAGATTGGCCCAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGGGGCGAAG	3901
QY	3361	ATTATATGATTTAAAAACCGAACTTGA AAAACAATAATCAGCACTACTGCCAAAAACGACAA	3420
Db	3902	ATTATATGATTTAAAAACCGAACTTGA AAAACAATAATCAGCACTACTGCCAAAAACGACAA	3961
QY	3421	AACCATATACAGAAATTCGACGTAGCAATGACATAGCAAGGTAAATTAATCTTAACGTTAGTAAC	3480
Db	3962	AACCATATACAGAAATTCGACGTAGCAATGACATAGCAAGGTAAATTAATCTTAACGTTAGTAAC	4021
QY	3481	CTTAACTCCAGTTATGACACCTGCAAAAGACCTCTGATGTCATCACACTTTGACAGGTGA AAC	3540

QY 5701 ACCGGTACGGTTAAGCGCTTTCCTGACAAACGGCGGTTGGTGGCTCTCCGTGGGTGCC 5760
|||||
Db 6242 ACCGGTACGGTTAAGCGCTTTCCTGACAAACGGCGGTTGGTGGCTCTCCGTGGGTGCC 6301
QY 5761 TCAGGTGGTGAACGGCGGTATCCAAATATGTCGAGCAGGTGAGGTGATGTCACACAGCACC 5820
|||||
Db 6302 TCAGGTGGTGAACGGCGGTATCCAAATATGTCGAGCAGGTGAGGTGATGTCACACAGCACC 6361
QY 5821 GATGGCGTCAATGTTAGACCGATTTGTAACAAAGCCACCACCAAGCATTTGCCAACCAACAT 5880
|||||
Db 6362 GATGGCGTCAATGTTAGACCGATTTGTAACAAAGCCACCACCAAGCATTTGCCAACCAACAT 6421
QY 5881 GAGCTTGAACCATGCTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCCAATGCGAGGTTTCATCAGCG 5940
|||||
Db 6422 GAGCTTGAACCATGCTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCCAATGCGAGGTTTCATCAGCG 6481
QY 5941 ATGGCGATGGCTCATGTCACAAAGCCATTCCTGCGCAGATCCATGTTACCGGGGGGT 6000
|||||
Db 6482 ATGGCGATGGCTCATGTCACAAAGCCATTCCTGCGCAGATCCATGTTACCGGGGGGT 6541
QY 6001 ATGGCCACCCACAAACGCTCAAGGTGCGGTGCGAGTGGACTGTGCAAGCTGTGCGATTAAT 6060
|||||
Db 6542 ATGGCCACCCACAAACGCTCAAGGTGCGGTGCGAGTGGACTGTGCAAGCTGTGCGATTAAT 6601
QY 6061 GGTCAATGGGTATTTTAAATCAATGTTGACCGCATACCCAGGCCATGTAAGGGGGCGCA 6120
Db 6602 GGTCAATGGGTATTTTAAATCAATGTTGACCGCATACCCAGGCCATGTAAGGGGGCGCA 6661
QY 6121 GTTGTGACAGTTTTCACCTTT 6141
|||||
Db 6662 GTTGTGACAGTTTTCACCTTT 6682

RESULT 3
AAT38740
ID AAT38740 standard; DNA; 6971 BP.

XX AAT38740;

Dt 25-JAN-1997 (first entry)

XX Moraxella outer membrane protein gene.

XX Outer membrane protein; OMP; immunogen; vaccine; otitis media;

XX diagnosis: ss.

XX Mycobacterium catarrhalis strain 4223.

XX Key Location/Qualifiers

FT CDS 706..6684

FT /*tag- a

XX MO9634960-A1.

XX 07-NOV-1996.

XX 29-APR-1996; 96MO-CA00264.

XX 26-MAR-1996; 96US-0621944.

XX 01-MAY-1995; 95US-0431718.

XX 07-JUN-1995; 95US-0478370.

XX (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.

XX Chong P, Harkness RE, Klein MH, Loosmore SM, Sasaki K;

XX WPI; 1996-506162/50.

XX P-PSDB; AAM04505.

XX Moraxella outer membrane protein - useful as immunogen in protective

PS Claim 14; Fig 6; 109pp; English.

XX A genomic DNA fragment (T38740) of Moraxella catarrhalis otitis
CC media strain 4223 includes the coding region for a 1992-amino
CC acid protein (W04505) identified as an approx. 200 kDa outer
CC membrane protein (OMP). The DNA was isolated from a strain 4223
CC genomic library in phage lambda EMBL3 by screening with an
CC anti-200 kDa protein guinea pig antiserum. The gene can be
CC used for the recombinant expression of the OMP (for use in
CC vaccines), for the prep. of hybridisation probes, or may be
CC incorporated into a live vector for use in direct immunisation.
XX

Sequence 6971 BP; 2265 A; 1553 C; 1533 G; 1620 T; 0 other;

Query Match 99.8%; Score 6130; DB 17; Length 6971;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1;

QY 1 ATGAATCAACATCTATTAAGTCTCTTTAACAAGCCACAGCACAATTTATGCGAGTGCA 60
Db 540 ATGAATCAACATCTATTAAGTCTCTTTAACAAGCCACAGCACAATTTATGCGAGTGCA 599
QY 61 GAGTACGCCAATATCCACACAGCAGC -GGGGGGGGGTAGTGTGTACAGGGCAAGTTGGCAG 119
Db 600 GAGTACGCCAATATCCACACAGCAGCAGGGGGGGGTAGTGTGTACAGGGCAAGTTGGCAG 659
QY 120 TGTATGCACTGTGAGCTTTGCCGTATTTGCCGCTGCTGCTGCTGATGCGTCAAC 179
Db 660 TGTATGCACTGTGAGCTTTGCCGTATTTGCCGCTGCTGCTGCTGATGCGTCAAC 719
QY 180 GCTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAATATACCAACATATTCGCAATTTGGTGAACA 239
Db 720 GCTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAATATACCAACATATTCGCAATTTGGTGAACA 779
QY 240 AAACGAGCAGACGCTGTCAGGCATGCCAAGCGGAGCGGTGATTCAGGCAATTTGATTGG 299
Db 780 AAACGAGCAGACGCTGTCAGGCATGCCAAGCGGAGCGGTGATTCAGGCAATTTGATTGG 839
QY 300 TGAATATGCTAACGACAGGGGGGTCAAGCATTCGCCATCGGTAGTATTAATAACTGT 359
Db 840 TGAATATGCTAACGACAGGGGGGTCAAGCATTCGCCATCGGTAGTATTAATAACTGT 899
QY 360 CAATGGAACGAGTTTGGATTAAGTATAGTACGATGCTAGCGGTGCAAGATTCATGCCAT 419
Db 900 CAATGGAACGAGTTTGGATTAAGTATAGTACGATGCTAGCGGTGCAAGATTCATGCCAT 959
QY 420 CGGTGTGATGTTAAAGCTAGTGTGATGCTGATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGATTC 479
Db 960 CGGTGTGATGTTAAAGCTAGTGTGATGCTGATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGATTC 1019
QY 480 TTTGCTTGTATCAGCATGTTATCTTAACATCCGAAGGTACTCTGATTAAGATCTTTAT 539
Db 1020 TTTGCTTGTATCAGCATGTTATCTTAACATCCGAAGGTACTCTGATTAAGATCTTTAT 1079
QY 540 TAACGGCATGTCAGTATTAATAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAG 599
Db 1080 TAACGGCATGTCAGTATTAATAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAGTAAG 1139
QY 600 ACACACAAACCGAAGCGGACGACGCGCATGTCAGTGGAGGCCATGTCATATGACAGAGG 659
Db 1140 ACACACAAACCGAAGCGGACGACGCGCATGTCAGTGGAGGCCATGTCATATGACAGAGG 1199
QY 660 TCATTTTTCACAGCGCTTTGGTACAGGGGCAAGCTAAAGAGTCCATATTCCTTGGCAGT 719
Db 1200 TCATTTTTCACAGCGCTTTGGTACAGGGGCAAGCTAAAGAGTCCATATTCCTTGGCAGT 1259
QY 720 GGGTCTTGGCGCCACAGCGGACCAATCTACAATGCTATTGTTGATGCAACATC 779
Db 1260 GGGTCTTGGCGCCACAGCGGACCAATCTACAATGCTATTGTTGATGCAACATC 1319
QY 780 TAGCTGTTGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAGTACTGTCAGCTACAGGCGATAT 839
Db 1320 TAGCTGTTGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAGTACTGTCAGCTACAGGCGATAT 1379

QY 840 TGCCCTAGGTCAGAGTTCTGTTGTCACATGAGATGATTAATATTTAGACCGGCTATAC 899
 |||||
 Db 1380 TGCCCTAGGTCAGAGTTCTGTTGTCACATGAGATGATTAATATTTAGACCGGCTATAC 1439
 QY 900 ACCAAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATACGAAGCGGGTCC 959
 |||||
 Db 1440 ACCAAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATACGAAGCGGGTCC 1499
 QY 960 ACTTTCCATTGGTAGTAATCTCTATCAAGCTTAATATCATATGTGGGTGCAGGTGTTAA 1019
 |||||
 Db 1500 ACTTTCCATTGGTAGTAATCTCTATCAAGCTTAATATCATATGTGGGTGCAGGTGTTAA 1559
 QY 1020 TAAACCGATGGCGGTCAATGTGCGACAGCTAGAAAGCGGTGTGAAGTGGGCTAAGGAGCG 1079
 |||||
 Db 1560 TAAACCGATGGCGGTCAATGTGCGACAGCTAGAAAGCGGTGTGAAGTGGGCTAAGGAGCG 1619
 QY 1080 TAGAATTTACTTTTCAAGGTGATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATAGTTTGGATATAC 1139
 |||||
 Db 1620 TAGAATTTACTTTTCAAGGTGATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATAGTTTGGATATAC 1679
 QY 1140 TTTAATTTAAAGGTGGGTGCGACAGACCAACGATTAACCGATTAATATTCGGGTGGT 1199
 |||||
 Db 1680 TTTAATTTAAAGGTGGGTGCGACAGACCAACGATTAACCGATTAATATTCGGGTGGT 1239
 QY 1200 AAAAGAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGGTAAACCTTTAAACATCTTAC 1259
 |||||
 Db 1740 AAAAGAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGGTAAACCTTTAAACATCTTAC 1799
 QY 1260 TGAAGTGAATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1319
 |||||
 Db 1800 TGAAGTGAATTAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1859
 QY 1320 TGCTACAGTGAATTTAGTGTAGTGTATTAACCTTACCAGCCCAATACAGGAGTCA 1379
 |||||
 Db 1860 TGCTACAGTGAATTTAGTGTAGTGTATTAACCTTACCAGCCCAATACAGGAGTCA 1919
 QY 1380 AAGCACAACGAAACCGTGTATGCGTGAATGCGTGAAGTTACTAATTAATACAGAAAC 1439
 |||||
 Db 1920 AAGCACAACGAAACCGTGTATGCGTGAATGCGTGAAGTTACTAATTAATACAGAAAC 1979
 QY 1440 AACAGCAGCAATGCGCAGTACTGCTATTAACAGAGTAAATTTGGCTTGCGAGATGG 1499
 |||||
 Db 1980 AACAGCAGCAATGCGCAGTACTGCTATTAACAGAGTAAATTTGGCTTGCGAGATGG 2039
 QY 1500 TGATGTTGAATGAACCAAGCACAATTTGATTAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1559
 |||||
 Db 2040 TGATGTTGAATGAACCAAGCACAATTTGATTAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2099
 QY 1560 TGCATTTACCATAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1619
 |||||
 Db 2100 TGCATTTACCATAGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2159
 QY 1620 AGGTAGCAGTGTAAACGATGCGTGTACCATGGAACAGCTCAAAAGCGCCCAAGCTTACTT 1679
 |||||
 Db 2160 AGGTAGCAGTGTAAACGATGCGTGTACCATGGAACAGCTCAAAAGCGCCCAAGCTTACTT 2219
 QY 1680 AAACGAGGCGGTGCGATGCTGATGCTACACTACTGAAATTCAGTTGATCTAAGATGG 1739
 |||||
 Db 2220 AAACGAGGCGGTGCGATGCTGATGCTACACTACTGAAATTCAGTTGATCTAAGATGG 2279
 QY 1740 CAATGTTACCGCCCAACTTACCAACATTTGGCTGAACCAACGAGCTTAACAGTATGG 1799
 |||||
 Db 2280 CAATGTTACCGCCCAACTTACCAACATTTGGCTGAACCAACGAGCTTAACAGTATGG 2339
 QY 1800 CACTAGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1859
 |||||
 Db 2340 CACTAGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2399
 QY 1860 ACATTTGGCAGGCTATCTAATTAATGAAGTCAATGCAAGCGGTGACAGTGTCTACAAAGCTT 1919
 |||||
 Db 2400 ACATTTGGCAGGCTATCTAATTAATGAAGTCAATGCAAGCGGTGACAGTGTCTACAAAGCTT 2459

QY 1920 TACCGTTAAAGAAAGACGATGATGACGCAACGCTATACCGGTGCTAAAGATACGAC 1979
 |||||
 Db 2460 TACCGTTAAAGAAAGACGATGATGACGCAACGCTATACCGGTGCTAAAGATACGAC 2519
 QY 1980 AAAAATGCGCGGCACTAGCATCTTTAAACTCAAAAGGTAAACGGTCTAACGGTTTC 2039
 |||||
 Db 2520 AAAAATGCGCGGCACTAGCATCTTTAAACTCAAAAGGTAAACGGTCTAACGGTTTC 2579
 QY 2040 TACCAAAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2099
 |||||
 Db 2580 TACCAAAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2639
 QY 2100 CAAGAAGCCCTTAACCAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2159
 |||||
 Db 2640 CAAGAAGCCCTTAACCAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2699
 QY 2160 CGGTGCTAATGCGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2219
 |||||
 Db 2700 CGGTGCTAATGCGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2759
 QY 2220 AAATACCGCTGCGATTAACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2279
 |||||
 Db 2760 AAATACCGCTGCGATTAACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2819
 QY 2280 TACAACCAACCTTATCTGATCAAGACAGCTAACAAGTGGCAATGTTAAGATTACCA 2339
 |||||
 Db 2820 TACAACCAACCTTATCTGATCAAGACAGCTAACAAGTGGCAATGTTAAGATTACCA 2879
 QY 2340 CACTGCGATTAACGAGGTGTAAGGCTACAGGCTGTCCCAACACTGCTAGCAT 2399
 |||||
 Db 2880 CACTGCGATTAACGAGGTGTAAGGCTACAGGCTGTCCCAACACTGCTAGCAT 2939
 QY 2400 TGCGGATCAAGATGACCGCAACATAGACGCGGCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATC 2459
 |||||
 Db 2940 TGCGGATCAAGATGACCGCAACATAGACGCGGCAATCAATCAATCAATCAATCAATCAATC 2999
 QY 2460 CAACGCTGCGAGATTAATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2519
 |||||
 Db 3000 CAACGCTGCGAGATTAATGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3059
 QY 2520 CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGCAATTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC 2579
 |||||
 Db 3060 CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGCAATTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC 3119
 QY 2580 CGCCACGATTAACCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2639
 |||||
 Db 3120 CGCCACGATTAACCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3179
 QY 2640 GGATGATACCAACCTTATCATGATTAACAGGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2699
 |||||
 Db 3180 GGATGATACCAACCTTATCATGATTAACAGGCACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3239
 QY 2700 CACCAACTGACAAACAAAGTGTATGATTAACGACATTAACCTTTAATGTTAATCTC 2759
 |||||
 Db 3240 CACCAACTGACAAACAAAGTGTATGATTAACGACATTAACCTTTAATGTTAATCTC 3299
 QY 2760 TAGTGATGAAGATGCGCTTGTGTAACGCCAAAGATGCGGAAATGTTAAACACCTTAGC 2819
 |||||
 Db 3300 TAGTGATGAAGATGCGCTTGTGTAACGCCAAAGATGCGGAAATGTTAAACACCTTAGC 3359
 QY 2820 CAAGAATTTACACCAACGACAGCAGACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 2879
 |||||
 Db 3360 CAAGAATTTACACCAACGACAGCAGACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 3419
 QY 2880 AAAGTGAATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2939
 |||||
 Db 3420 AAAGTGAATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3479
 QY 2940 CGCAAAATTAATCAAGTCAACAGCCCTAACAGCTCAAAAGGTGAAACGGTCTTAATTAATTAAC 2999
 |||||
 Db 3480 CGCAAAATTAATCAAGTCAACAGCCCTAACAGCTCAAAAGGTGAAACGGTCTTAATTAATTAAC 3559
 QY 3000 CGACAAAATGATGCGTTACCTTTGGCATTAACACCAAGCGGTCTTAAGCGGCGCA 3059

```
|||||
Db 3540 CGACAAAATGATAGGTACTTGGCATTAACACCAAGCGGTCTTAAAGCCGGCAA 3599
Qy 3060 AAGCACCCTAAACGAGGTGGCTTGTCTATTAAAAACCCCTGTGTAGCGAAATCCCA 3119
Db 3600 AAGCACCCTAAACGAGGTGGCTTGTCTATTAAAAACCCCTGTGTAGCGAAATCCCA 3659
Qy 3120 AGTCGTGCTGATGGCGTGAAGTTGGCCAGGTTAATATATGTTGTGTAGGTGCTGG 3179
Db 3660 AGTCGTGCTGATGGCGTGAAGTTGGCCAGGTTAATATATGTTGTGTAGGTGCTGG 3719
Qy 3180 CATTTAGTGCACACTGCGCATTTACAGAGATGAATGGCTTTTACTGGGACTAATGGCTC 3239
Db 3720 CATTTAGTGCACACTGCGCATTTACAGAGATGAATGGCTTTTACTGGGACTAATGGCTC 3779
Qy 3240 ACTTGATTAAGCAAAACCCACCTAAGCAAGAGCGCATTTAAGCAGGTGGTAAAGAT 3299
Db 3780 ACTTGATTAAGCAAAACCCACCTAAGCAAGAGCGCATTTAAGCAGGTGGTAAAGAT 3839
Qy 3300 TACCAAACTTCATAGTGAAGATTGCCAAACAGCCATGCTGTGTAGCAGCGCGCA 3359
Db 3840 TACCAAACTTCATAGTGAAGATTGCCAAACAGCCATGCTGTGTAGCAGCGCGCA 3899
Qy 3360 GATTTATGATTTAAAAACCGAAGCTTGAAGAAATCAGACGATGCGCAAAACAGACA 3419
Db 3900 GATTTATGATTTAAAAACCGAAGCTTGAAGAAATCAGACGATGCGCAAAACAGACA 3959
Qy 3420 AAACGATTTACAGAAATTCCTCAGTAGCAGATGAACAGGTAATTAACGTTACGTTAGTA 3479
Db 3960 AAACGATTTACAGAAATTCCTCAGTAGCAGATGAACAGGTAATTAACGTTACGTTAGTA 4019
Qy 3480 CCTTACTCAGTTATGACACCTCAAGACCTTGATGTCATCACCCTTGACAGGTGAANA 3539
Db 4020 CCTTACTCAGTTATGACACCTCAAGACCTTGATGTCATCACCCTTGACAGGTGAANA 4079
Qy 3540 CGGCATTACCAACCAAGGTAATAAAGGTGTGTGCGTGTGGGCTTGAACCAACCAAGG 3599
Db 4080 CGGCATTACCAACCAAGGTAATAAAGGTGTGTGCGTGTGGGCTTGAACCAACCAAGG 4139
Qy 3600 CTTTAAACCAAGCCTTAAGTGAACCGTGGTATTAATAGCAAGGATGTGCTTGAAG 3659
Db 4140 CTTTAAACCAAGCCTTAAGTGAACCGTGGTATTAATAGCAAGGATGTGCTTGAAG 4199
Qy 3660 CCAAAATGTCAAATATCAGTACAGAGCTAAGCAACACTCTAGTAATGTTACCAATGA 3719
Db 4200 CCAAAATGTCAAATATCAGTACAGAGCTAAGCAACACTCTAGTAATGTTACCAATGA 4259
Qy 3720 TAAAGTAGCGTAGCACACAGAACAGGCAATATATCAAAAGACGAACAAACCCG 3779
Db 4260 TAAAGTAGCGTAGCACACAGAACAGGCAATATATCAAAAGACGAACAAACCCG 4319
Qy 3780 TGGCCGACGATTTGTATGTGTAGCGAGGCTTAACTTGCAAGGCAATGGTGAAGC 3839
Db 4320 TGGCCGACGATTTGTATGTGTAGCGAGGCTTAACTTGCAAGGCAATGGTGAAGC 4379
Qy 3840 GGTGACTTTGTCTCACTTATGACACGCTCACTTTGCCGATGGCAATGCCACACCGC 3899
Db 4380 GGTGACTTTGTCTCACTTATGACACGCTCACTTTGCCGATGGCAATGCCACACCGC 4439
Qy 3900 TAAAGTAGCTATGATGACACAAAGCAAAACAGTAAAGTGTCTATGATGCAATGTGA 3959
Db 4440 TAAAGTAGCTATGATGACACAAAGCAAAACAGTAAAGTGTCTATGATGCAATGTGA 4499
Qy 3960 TGATTCACACATTTGAAGTTAAAGATTAAGAACTTGGCGTAAAGAACACACATTTGACAG 4019
Db 4500 TGATTCACACATTTGAAGTTAAAGATTAAGAACTTGGCGTAAAGAACACACATTTGACAG 4559
Qy 4020 TACTGGCACAGGTGCTAATTAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGCTGAGTGGGCTTGT 4079
Db 4560 TACTGGCACAGGTGCTAATTAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGCTGAGTGGGCTTGT 4619
Qy 4080 CAAGGCAAGTATGCTGATCTTAACACCTTATCTGGGCAATCAACATGCCAA 4139
|||||

Db 4620 CAAGGCAAGTATGCTGATCTTAACACCTTATCTGGGCAATCAACATGCCAA 4679
Qy 4140 AGGGGCAAGCAAGCAACACTCAGCAGGCTATGTGGATGTGATGGCAATAAAGTCAAT 4199
Db 4680 AGGGGCAAGCAAGCAACACTCAGCAGGCTATGTGGATGTGATGGCAATAAAGTCAAT 4739
Qy 4200 CTTATGACAGTACGATTAACAGTATATCAAGGCAAAATGATGGCAAGTGAATAAAC 4259
Db 4740 CTTATGACAGTACGATTAACAGTATATCAAGGCAAAATGATGGCAAGTGAATAAAC 4799
Qy 4260 CAAGAAGTTGCCAAAGACAAACTGTCGCCCAAGCCCAACCCAGATGGCAATGGC 4319
Db 4800 CAAGAAGTTGCCAAAGACAAACTGTCGCCCAAGCCCAACCCAGATGGCAATGGC 4859
Qy 4320 TCAATTAATGTCAAATCACTCATTTAACAAGAAAGCAAGTAATGATGCCAATTAAGCA 4379
Db 4860 TCAATTAATGTCAAATCACTCATTTAACAAGAAAGCAAGTAATGATGCCAATTAAGCA 4919
Qy 4380 AGGCATCAATGAAGACAAACGCTTTGTTAAAGCACTTGAAGAAACCGCTTGTGATTAACA 4439
Db 4920 AGGCATCAATGAAGACAAACGCTTTGTTAAAGCACTTGAAGAAACCGCTTGTGATTAACA 4979
Qy 4440 AACCAAAACCGCGCAGTAACTGTGGGTAAATGATGCCCAACACCGCTGAC 4499
Db 4980 AACCAAAACCGCGCAGTAACTGTGGGTAAATGATGCCCAACACCGCTGAC 5039
Qy 4500 CTTTGCAGGGGATCAGGACACACAGGCTAAAAAACTGGGCGAGCTTGCATCAAAAG 4559
Db 5040 CTTTGCAGGGGATCAGGACACACAGGCTAAAAAACTGGGCGAGCTTGCATCAAAAG 5099
Qy 4560 TGGGCAACACACACCAATAGCTAACCGATTAATACGATGCTGTGTAGCAGGTACTGA 4619
Db 5100 TGGGCAACACACACCAATAGCTAACCGATTAATACGATGCTGTGTAGCAGGTACTGA 5159
Qy 4620 TGGCTTACTCTCAAACTTGGCAAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCTTAATGACAGTGG 4679
Db 5160 TGGCTTACTCTCAAACTTGGCAAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCTTAATGACAGTGG 5219
Qy 4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTGTGTAGCTCAAGCGGTCAAGCAAGCAAA 4739
Db 5220 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTGTGTAGCTCAAGCGGTCAAGCAAGCAAA 5279
Qy 4740 CACCCCTGTGCTAATGCGCAATGGCTGACCTGGGTGCAAGGTCAATCAATTAATGTGGG 4799
Db 5280 CACCCCTGTGCTAATGCGCAATGGCTGACCTGGGTGCAAGGTCAATCAATTAATGTGGG 5339
Qy 4800 CAAAGGCAAAAGATACCAGCGTGCATGATCAACAGTTAAACGATTAACGATTAACG 4859
Db 5340 CAAAGGCAAAAGATACCAGCGTGCATGATCAACAGTTAAACGATTAACGATTAACG 5399
Qy 4860 GTTGGGCTTGTGTAATGCTGTAATGATTAACGCTGACGCAATGAGTTAAACATTTGCCGA 4919
Db 5400 GTTGGGCTTGTGTAATGCTGTAATGATTAACGCTGACGCAATGAGTTAAACATTTGCCGA 5459
Qy 4920 CATCAAAAAAGACCCAAATTCAGTTTCATCTATCAACGCACTGTCATCAAAAGCAAGCAC 4979
Db 5460 CATCAAAAAAGACCCAAATTCAGTTTCATCTATCAACGCACTGTCATCAAAAGCAAGCAC 5519
Qy 4980 GGTACTTGGCGGTAAGGTAATAGCATACGAAAAACTTGGCACTGGTGTATCAAGT 5039
Db 5520 GGTACTTGGCGGTAAGGTAATAGCATACGAAAAACTTGGCACTGGTGTATCAAGT 5579
Qy 5040 GGGCGTGTAAAGAGACGCGCACTTAACGCGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCA 5099
Db 5580 GGGCGTGTAAAGAGACGCGCACTTAACGCGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCA 5639
Qy 5100 AAAAGATGCGACGCAAAAGACCTGCTGCGCACTTATTAAGCGCGGACAGCAACCACTA 5159
Db 5640 AAAAGATGCGACGCAAAAGACCTGCTGCGCACTTATTAAGCGCGGACAGCAACCACTA 5699
Qy 5160 TTTGACCAACACCGCGCAGAACCAATTAAGCAAGATTAATGAACAAGATATCGCTTCTT 5219
Db 5700 TTTGACCAACACCGCGCAGAACCAATTAAGCAAGATTAATGAACAAGATATCGCTTCTT 5759
|||||
```

```

OY 5220 CCATGTCACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGTACAAAGGGCGTAAAGCGCATGTCAG 5279
DB 5760 CCATGTCACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGTACAAAGGGCGTAAAGCGCATGTCAG 5819
OY 5280 TGGCTCAGGCAAGCACTCACTAGTGGCGATAGGTTTCCAGGGCCAAAGCAAGTGGTGAAGCCG 5339
DB 5820 TGGCTCAGGCAAGCACTCACTAGTGGCGATAGGTTTCCAGGGCCAAAGCAAGTGGTGAAGCCG 5879
OY 5340 CGTGGCCATGAGCAGACAAACCAGAGGCAACCAATCCATGCGCATCGGTGTAAAGC 5399
DB 5880 CGTGGCCATGAGCAGACAAACCAGAGGCAACCAATCCATGCGCATCGGTGTAAAGC 5939
OY 5400 ACAAGCCAGGGGATCAATCAATCGCATGCTAGCAGGCAATGCTAGCAGTAAAGCA 5459
DB 5940 ACAAGCCAGGGGATCAATCAATCGCATGCTAGCAGGCAATGCTAGCAGTAAAGCA 5999
OY 5460 CTCTGGTGCATCGCGACCCCAAGCACTGTTAAGGCGTATACAGTACAGTGGGTAA 5519
DB 6000 CTCTGGTGCATCGCGACCCCAAGCACTGTTAAGGCGTATACAGTACAGTGGGTAA 6059
OY 5520 TAAACAACGATTACCGATGCCACTCAAAACCGATGCTTTGGTGGGCAATAACATCAC 5579
DB 6060 TAAACAACGATTACCGATGCCACTCAAAACCGATGCTTTGGTGGGCAATAACATCAC 6119
OY 5580 CGTAGCCGAAGTACGCGGTGCTAGGTTCAAACTCGCCATCAGTGCAGGACACACA 5639
DB 6120 CGTAGCCGAAGTACGCGGTGCTAGGTTCAAACTCGCCATCAGTGCAGGACACACA 6179
OY 5640 CGCAGGCACACAAAGCAAAAAATCTGACGCGACAGCAGGTACACACCAACAGCAGAGTGC 5699
DB 6180 CGCAGGCACACAAAGCAAAAAATCTGACGCGACAGCAGGTACACACCAACAGCAGAGTGC 6239
OY 5700 AACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGACAAAGCGCGGTTGGTGGCTCCCTGGGCTGC 5759
DB 6240 AACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGACAAAGCGCGGTTGGTGGCTCCCTGGGCTGC 6299
OY 5760 CTGAGGTGCTGAAGCGCGTATCCAAAATGTGCGACAGAGTGAAGTGCACACACACAC 5819
DB 6300 CTGAGGTGCTGAAGCGCGCGTATCCAAAATGTGCGACAGAGTGAAGTGCACACACACAC 6359
OY 5820 CGATGCGGCTCAATGTAGCCAGTGTACAAAGCCACCAAGCAATGGCCAAACGCAACCA 5879
DB 6360 CGATGCGGCTCAATGTAGCCAGTGTGTACAAAGCCACCAAGCAATGGCCAAACGCAACCA 6419
OY 5880 TGAAGCTTGACCATGCTATCCACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCGAGGATTTTCATAGC 5939
DB 6420 TGAAGCTTGACCATGCTATCCACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCGAGGATTTTCATAGC 6479
OY 5940 GATGGGAGTGGCGTCATGCGACAGGCTACATTCCTGGGAGATCCATGGTTACCGGGGG 5999
DB 6480 GATGGGAGTGGCGTCATGCGACAGGCTACATTCCTGGGAGATCCATGGTTACCGGGGG 6539
OY 6000 TATTGGCACCCACAGAGGTCAGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTAA 6059
DB 6540 TATTGGCACCCACAGAGGTCAGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTAA 6599
OY 6060 TGGTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTAGCCGATACCCAAAGCCATGTAGGGGCGGC 6119
DB 6600 TGGTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTAGCCGATACCCAAAGCCATGTAGGGGCGGC 6659
OY 6120 AGTTGGGACGAGTTTCACTTT 6141
DB 6660 AGTTGGGACGAGTTTCACTTT 6681

RESULT 4
AAF59100
ID AAF59100 standard; DNA: 6973 BP.
XX
AC AAF59100;
XX
DT 24-APR-2001 (first entry)

```

```

XX DE M. catarrahilis strain 4223 lambdaEMBL3 clone 200kda gene SEQ ID NO:1.
XX KW Moraxella catarrahilis strain 4223; major outer membrane protein;
XX KM 200kda outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;
XX OS Moraxella catarrahilis.
XX PN WO200107619-A1.
XX PD 01-FEB-2001.
XX PF 26-JUL-2000; 2000MO-CA00870.
XX PR 27-JUL-1999; 9905-0361619.
XX PA (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.
XX PI Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH;
XX DR WPI; 2001-159722/16.
XX DR P-PDB; AAB69133.
XX PT New nucleic acid encoding Moraxella catarrahilis outer membrane protein,
XX PT useful in protective vaccines and for diagnosis
XX PS Example 3; Fig 2A-W; 247pp; English.
XX CC
XX CC The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
XX CC that encodes a 200 kda outer membrane protein of Moraxella catarrahilis.
XX CC The 200 kda outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
XX CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
XX CC immunogenic compositions and vaccines to protect against M. catarrahilis
XX CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
XX CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
XX CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
XX CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kda protein
XX CC genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrahilis.
XX CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.
XX CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
XX CC towards the Escherichia coli host. The present sequence represents the
XX CC M. catarrahilis strain 4223 lambdaEMBL3 clone 200kda gene, which is used
XX CC in the exemplification of the present invention.
XX SQ
XX
OY 5880 TGAAGCTTGACCATGCTATCCACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCGAGGATTTTCATAGC 5939
DB 6420 TGAAGCTTGACCATGCTATCCACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCGAGGATTTTCATAGC 6479
OY 5940 GATGGGAGTGGCGTCATGCGACAGGCTACATTCCTGGGAGATCCATGGTTACCGGGGG 5999
DB 6480 GATGGGAGTGGCGTCATGCGACAGGCTACATTCCTGGGAGATCCATGGTTACCGGGGG 6539
OY 6000 TATTGGCACCCACAGAGGTCAGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTAA 6059
DB 6540 TATTGGCACCCACAGAGGTCAGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTGGGAGTAA 6599
OY 6060 TGGTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTAGCCGATACCCAAAGCCATGTAGGGGCGGC 6119
DB 6600 TGGTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTAGCCGATACCCAAAGCCATGTAGGGGCGGC 6659
OY 6120 AGTTGGGACGAGTTTCACTTT 6141
DB 6660 AGTTGGGACGAGTTTCACTTT 6681

Query Match 99.8%; Score 6130; DB 22; Length 6973;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1;
OY 1 ATGAATACATCTATTAAGTCAATCTTTAAACAAAGCCACAGGACATTTATGCGAGTGGCA 60
DB 542 ATGAATACATCTATTAAGTCAATCTTTAAACAAAGCCACAGGACATTTATGCGAGTGGCA 601
OY 61 GAGTACGCCAAATCCACAGACAC-GGGGGGGGAGTGTGCTGTCTACAGGCAAGTGGCAG 119
DB 602 GAGTACGCCAAATCCACAGACACGGGGGGGGGAGTGTGCTGTCTACAGGCAAGTGGCAG 661
OY 120 TGTATGACACTGTGAGCTTTGGCCGCTATTTGGCGGCTGCTGTCTGTATGCTGCAAC 179
DB 662 TGTATGACACTGTGAGCTTTGGCCGCTATTTGGCGGCTGCTGTCTGTATGCTGCAAC 721
OY 180 GCTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAGATACCAAAATATGCAATGTGGTGAACA 239
DB 722 GCTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAGATACCAAAATATGCAATGTGGTGAACA 781
OY 240 AAACAGCCAAAGAGGCTCAGGCACTGCCAAGGGGAGGAGTATGAGCAATGCTATTTGG 299
DB 782 AAACAGCCAAAGAGGCTCAGGCACTGCCAAGGGGAGGAGTATGAGCAATGCTATTTGG 841
OY 300 TGAATAATGCTAACGACAGGGCGGTCAAGCCATGCCATGGTGTATATAAATCTGT 359

```


Db 842 TGAAGATGCTAACGACAGGGGGGTCAAGCCATCGCATCGTAGTACTAATAAATCTGT 901
Qy 360 CAATGAGACAGCAATTTGGATAGATAGATACCGATGCTACGGGTCAAGATCCATCGCCAT 419
Db 902 CAATGAGACAGCAATTTGGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGATAGAT 961
Qy 420 CGGTGGTGAATGAAGGGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGGTAGTACTGACTTACA 479
Db 962 CGGTGGTGAATGAAGGGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGGTAGTACTGACTTACA 1021
Qy 480 TTTGCTTGAATCAGCATGATGATATCTTAACATCGGAAAGGTACTCGATTAAAGATCTTAT 539
Db 1022 TTTGCTTGAATCAGCATGATGATATCTTAACATCGGAAAGGTACTCGATTAAAGATCTTAT 1081
Qy 540 TAACGGCTCAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 599
Db 1082 TAACGGCTCAGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1141
Qy 600 ACGCAGACCGGCAAGCGGACACGCCAGTACTGATGAGGAGCCATGCTATGACAGAGG 659
Db 1142 ACGCAGACCGGCAAGCGGACACGCCAGTACTGATGAGGAGCCATGCTATGACAGAGG 1201
Qy 660 TCAATTTTCCAGCGCTTTGGTGTACAGGGGCAACAGCTAAAGTGCCTATTCTTGGCAGT 719
Db 1202 TCAATTTTCCAGCGCTTTGGTGTACAGGGGCAACAGCTAAAGTGCCTATTCTTGGCAGT 1261
Qy 720 GGGTCTTGGCCGACAGCGGAGGCGCAATCTACATGCTATTGGTTCTGATGCAACATC 779
Db 1262 GGGTCTTGGCCGACAGCGGAGGCGCAATCTACATGCTATTGGTTCTGATGCAACATC 1321
Qy 780 TAGCTGCTGGGAGCGGTACGCGCTTGGTGTGAGGAGTCTGCTACACTACAGGCGAGTAT 839
Db 1322 TAGCTGCTGGGAGCGGTACGCGCTTGGTGTGAGGAGTCTGCTACACTACAGGCGAGTAT 1381
Qy 840 TGCCCTAGGTCAAGGTTCTGTTGTCACTCAGAGTGAATTAATTTCTAGACGGGCTATAC 899
Db 1382 TGCCCTAGGTCAAGGTTCTGTTGTCACTCAGAGTGAATTAATTTCTAGACGGGCTATAC 1441
Qy 900 ACCAAATACCAGGACTAGACGCCCAAGTTTCAAGCACCAGTAATGAAGGCGGGTCC 959
Db 1442 ACCAAATACCAGGACTAGACGCCCAAGTTTCAAGCACCAGTAATGAAGGCGGGTCC 1501
Qy 960 ACTTTCATTTGGTGTAGTAACTCTATCAAAAGTAAATCATCATGTCGGTGCAGGTGTTAA 1019
Db 1502 ACTTTCATTTGGTGTAGTAACTCTATCAAAAGTAAATCATCATGTCGGTGCAGGTGTTAA 1561
Qy 1020 TAAACCGCATGCGGTCAATGCGGACAGCTAGAAAGCGGTGCTGAAGGCGGCTAAGAGCG 1079
Db 1562 TAAACCGCATGCGGTCAATGCGGACAGCTAGAAAGCGGTGCTGAAGGCGGCTAAGAGCG 1621
Qy 1080 TAGAATTAATTTTCAAGGCTGATGATACAGTACTGACGTAAATAATAGTGTGATATAC 1139
Db 1622 TAGAATTAATTTTCAAGGCTGATGATACAGTACTGACGTAAATAATAGTGTGATATAC 1681
Qy 1140 TTTAACTATTAAGTGTGACAGACCAAGCCATTAAACCATATATATCGGAGTGT 1199
Db 1682 TTTAACTATTAAGTGTGACAGACCAAGCCATTAAACCATATATATCGGAGTGT 1741
Qy 1200 AAAAGGCGTGAATAGTGTGCTGAAGGTTAAAGTCTTAACCTTTAAACATCTTAC 1259
Db 1742 AAAAGGCGTGAATAGTGTGCTGAAGGTTAAAGTCTTAACCTTTAAACATCTTAC 1801
Qy 1260 TGAAGGATTAACACTTAATTAATGCGCAACACAGTTAAGGATGATGATGATGATG 1319
Db 1802 TGAAGGATTAACACTTAATTAATGCGCAACACAGTTAAGGATGATGATGATGATG 1861
Qy 1320 TACTACAGCTGAATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1379
Db 1862 TACTACAGCTGAATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1921
Qy 1380 AACCAAGCAAAACCGTCTATGCGCTTAATGGGCTGAAGTTTACTAATTAATGCAAGAC 1439
Db 1922 AACCAAGCAAAACCGTCTATGCGCTTAATGGGCTGAAGTTTACTAATTAATGCAAGAC 1981

Qy 1440 AACAGCAGCAATGGGCACTACTGTTATTAACAGAGATTAATAATGGCTTTGCTCGAGATGG 1499
Db 1982 AACAGCAGCAATGGGCACTACTGTTATTAACAGAGATTAATAATGGCTTTGCTCGAGATGG 2041
Qy 1500 TGATGTTGATGAATAAACACACACCATATTTGGATAAAAACAATTAAGTGGTATGCT 1559
Db 2042 TGATGTTGATGAATAAACACACCATATTTGGATAAAAACAATTAAGTGGTATGCT 2101
Qy 1560 TGCAATTAACATAGACAAATGCGATGATGAGGTAATTAATAAGATCAGTAATCTGCCAA 1619
Db 2102 TGCAATTAACATAGACAAATGCGATGATGAGGTAATTAATAAGATCAGTAATCTGCCAA 2161
Qy 1620 AGTAGAGAGTGTAAACGATGCGGTATACCATGGAACAGCTTCAAAAGCCGCAAGCTTACTTT 1679
Db 2162 AGTAGAGAGTGTAAACGATGCGGTATACCATGGAACAGCTTCAAAAGCCGCAAGCTTACTTT 2221
Qy 1680 AACGCAAGGCGCTGGCATCAAGTGTCAACACTACTGAAATTCAGTTGATGCTAAGAGTGG 1739
Db 2222 AACGCAAGGCGCTGGCATCAAGTGTCAACACTACTGAAATTCAGTTGATGCTAAGAGTGG 2281
Qy 1740 CAATGTTACCGCCCACTTACAACTTTGGCGTGAAAAACCAAGCAGCTTAACAGTATGG 1799
Db 2282 CAATGTTACCGCCCACTTACAACTTTGGCGTGAAAAACCAAGCAGCTTAACAGTATGG 2341
Qy 1800 CACTAGTGAATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1859
Db 2342 CACTAGTGAATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2401
Qy 1860 ACATTTGGCAAGCTATCTTAATTAATGAATGCAATGCAAGGCTGACAGTCTCTACAAAGCTT 1919
Db 2402 ACATTTGGCAAGCTATCTTAATTAATGAATGCAATGCAAGGCTGACAGTCTCTACAAAGCTT 2461
Qy 1920 TACCGTTAAGAAGAAGACGATGATGACGCCAGCTTTCACCGTGGCTTAAGATATAGAC 1979
Db 2462 TACCGTTAAGAAGAAGACGATGATGACGCCAGCTTTCACCGTGGCTTAAGATATAGAC 2521
Qy 1980 AAAAAATGCGGCGGAGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2039
Db 2522 AAAAAATGCGGCGGAGACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2581
Qy 2040 TACCAAAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2099
Db 2582 TACCAAAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2641
Qy 2100 CAABAACCGCTTAACCAAGATGCGTGTAAAGATACCAAGCAACCAATCCAGT 2159
Db 2642 CAABAACCGCTTAACCAAGATGCGTGTAAAGATACCAAGCAACCAATCCAGT 2701
Qy 2160 CGGTGCTAATGGCATTAATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2219
Db 2702 CGGTGCTAATGGCATTAATTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2761
Qy 2220 AATTAACCGCTGATTAACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2279
Db 2762 AATTAACCGCTGATTAACCAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2821
Qy 2280 TACAAACCAACCTTATCTTATGATCAAGACAGTACAAAGTTGGCATGTTAACTTACCAA 2339
Db 2822 TACAAACCAACCTTATCTTATGATCAAGACAGTACAAAGTTGGCATGTTAACTTACCAA 2881
Qy 2340 CACTGCGATTAAGCAGCGTGTAAAGCATCAAGAGGCTGTCCCAACCTGCTGATGAT 2399
Db 2882 CACTGCGATTAAGCAGCGTGTAAAGCATCAAGAGGCTGTCCCAACCTGCTGATGATGAT 2941
Qy 2400 TGGCGATTAAGTGAAGCGGCAATGAGACTGGGCAATACAAATCAAGACAAACAATC 2459
Db 2942 TGGCGATTAAGTGAAGCGGCAATGAGACTGGGCAATACAAATCAAGACAAACAATC 3001
Qy 2460 CAAGCTGCGCAGCATTAATGATATATTAATTAATACAGGCTTTAACTTAATAATAACAA 2519
Db 3002 CAAGCTGCGCAGCATTAATGATATATTAATTAATACAGGCTTTAACTTAATAATAACAA 3061

QY	2520	CCCCATTGACCTTTGCTCCACCTTATATGACACTTGTGACTTTGGCAATGGCAATGGCCACC	2579
Db	3062	CCCCATTGACCTTTGCTCCACCTTATATGACACTTGTGACTTTGGCAATGGCAATGGCCACC	3121
QY	2580	CGCCACGTAACCCATGATACCGCTTAACAAACCGTAAGGGATATGTGATGTGAATGT	2639
Db	3122	CGCCACGTAACCCATGATACCGCTTAACAAACCGTAAGGGATATGTGATGTGAATGT	3181
QY	2640	GGATGATACAAACCTTCATCTTAACAGGCACTGATGACATATAAAAAAATCTGGCGTCAAAAC	2699
Db	3182	GGATGATACAAACCTTCATCTTAACAGGCACTGATGACATATAAAAAAATCTGGCGTCAAAAC	3241
QY	2700	CACCAAACTAACAACAAACAGTCTTAATGTAATACGCACTAACTTTAATGTTAACTC	2759
Db	3242	CACCAAACTAACAACAAACAGTCTTAATGTAATACGCACTAACTTTAATGTTAACTC	3301
QY	2760	TAGTGATGAAGATAGCCCTGTGTAAGCCCAAGCAATCGCGGAAATCTTAACACCTATGC	2819
Db	3302	TAGTGATGAAGATAGCCCTGTGTAAGCCCAAGCAATCGCGGAAATCTTAACACCTATGC	3361
QY	2820	CAAGGAATTTACAGACACCAACAAAGGCACAGACACACCGCTTCACAACTTTACCGTTAA	2879
Db	3362	CAAGGAATTTACAGACACCAACAAAGGCACAGACACACCGCTTCACAACTTTACCGTTAA	3421
QY	2880	AAAGGTAGATGAATTAATATATGCTGATAGACCCCAACGCCATCACCGTGGTCAAAAGAA	2939
Db	3422	AAAGGTAGATGAATTAATATATGCTGATAGACCCCAACGCCATCACCGTGGTCAAAAGAA	3481
QY	2940	CGCAAAATATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAGGTGAAAAGGCTCTTAATATTTAAAC	2999
Db	3482	CGCAAAATATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAGGTGAAAAGGCTCTTAATATTTAAAC	3541
QY	3000	CGACAAAATATGATACGGTTACTCTTGGACTTAAACACCAACACGGCTTTAAAGCCGGCAA	3059
Db	3542	CGACAAAATATGATACGGTTACTCTTGGACTTAAACACCAACACGGCTTTAAAGCCGGCAA	3601
QY	3060	AAGCACCTTAACGACGGGTGCTTGTCTATTAAAAACCCCACTGCTAGCGAACAATCCA	3119
Db	3602	AAGCACCTTAACGACGGGTGCTTGTCTATTAAAAACCCCACTGCTAGCGAACAATCCA	3661
QY	3120	AGTCGGGTGATAGGGGTGAAGTTGCCAAGGTATATATAGGTGTGTAAGGTGCTGG	3179
Db	3662	AGTCGGGTGATAGGGGTGAAGTTGCCAAGGTATATATAGGTGTGTAAGGTGCTGG	3721
QY	3180	CATTGATGGACAACTCGACTTTCACAGAAATGAAAATGGCTTACTGGAGCAATAGGCTC	3239
Db	3722	CATTGATGGACAACTCGACTTTCACAGAAATGAAAATGGCTTACTGGAGCAATAGGCTC	3781
QY	3240	ACTTGATTAAGAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGCGGCAATTAACGAGGTGTTAAAAAGAT	3299
Db	3782	ACTTGATTAAGAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGCGGCAATTAACGAGGTGTTAAAAAGAT	3841
QY	3300	TACCAACATTCATCAGGTGAAGTTTCCCAAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGGGGGCAA	3359
Db	3842	TACCAACATTCATCAGGTGAAGTTTCCCAAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGGGGGCAA	3901
QY	3360	GATTATGATTTAAAAACCGAATTGAAAAAATAATCAGACTACTCTGCAAAAACAGCA	3419
Db	3902	GATTATGATTTAAAAACCGAATTGAAAAAATAATCAGACTACTCTGCAAAAACAGCA	3961
QY	3420	AAACTCATACAGAAATCTCAGTAGCAGATGACAAAGGTAAATCACTTAGCGTTAGTAA	3479
Db	3962	AAACTCATACAGAAATCTCAGTAGCAGATGACAAAGGTAAATCACTTAGCGTTAGTAA	4021
QY	3480	CCCTTACTCCAGTTATGACACCTCAAAAGACCTCTGATGTCATCACCCTTTGCAGGTGAAAA	3539
Db	4022	CCCTTACTCCAGTTATGACACCTCAAAAGACCTCTGATGTCATCACCCTTTGCAGGTGAAAA	4081
QY	3540	CGGATTTACCAACCAAGGTAAATAAAGGTGGGTGGCTGGGCACTTGACCAAAACCAAGG	3599
Db	4082	CGGATTTACCAACCAAGGTAAATAAAGGTGGGTGGCTGGGCACTTGACCAAAACCAAGG	4141
QY	3600	CTTAACACGCGCTAAGCTGAACCGTGGGTATATATATGCAAAAGGCATGTTCATTGACAG	3659

Dp	4142	CTTAACACGCGCTPAGCTGACCGTGGGTATATATATGCGAAGGCATTGTGATTGACAG	4201
Qy	3660	CCAAATAATGTCAAAATAATACATCACAGACTAAAGCAACACTAGCTAATGTTACCAATGA	3719
Dp	4202	CCAAATAATGTCAAAATAATACATCACAGACTAAAGCAACACTAGCTAATGTTACCAATGA	4261
Qy	3720	TAAAGTAGCGGTAGCGACCCAGACAGAGGCAATATATCAAAAGCAGAAACAAACCCG	3779
Dp	4262	TAAAGTAGCGGTAGCGACCCAGACAGAGGCAATATATCAAAAGCAGAAACAAACCCG	4321
Qy	3780	TGCGCCGACGATTTGTATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAGAGCAATGGTGAAGC	3839
Dp	4322	TGCGCCGACGATTTGTATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAGAGCAATGGTGAAGC	4381
Qy	3840	GGTGTACTTTGTGTCCCACTTATGACACGCGCAACTTTGGCGATGGCAATGGCACACCGC	3899
Dp	4382	GGTGTACTTTGTGTCTCCCACTTATGACACGCGCTCAACTTTGGCGATGGCAATGGCACACCGC	4441
Qy	3900	TAAAGTAGCCTATGATGACCAAGCAAAACACGATAAGTGTCTATGATGTCAATGTGGA	3959
Dp	4442	TAAAGTAGCCTATGATGACCAAGCAAAACACGATAAGTGTCTATGATGTCAATGTGGA	4501
Qy	3960	TGATACACCACTTGAAGTTAAGATTAATAAACTTTGGCGTAAAAACCCACCACTTGCACG	4019
Dp	4502	TGATACCAACCATTTGAAGTTAAGATTAATAAACTTTGGCGTAAAAACCCACCACTTGCACG	4561
Qy	4020	TACTGGCAACAGGTGCTAATTAATTTGCGCTTAAGCAATCAAGCTACTGGCGAATGGCGTGT	4079
Dp	4562	TACTGGCAACAGGTGCTAATTAATTTGCGCTTAAGCAATCAAGCTACTGGCGAATGGCGTGT	4621
Qy	4080	CAAGGCCAGTGATATCGTTGCTCATGTAAACACACTTATCTGGCGACATCCAAACCTGCCAA	4139
Dp	4622	CAAGGCCAGTGATATCGTTGCTCATGTAAACACACTTATCTGGCGACATCCAAACCTGCCAA	4681
Qy	4140	AGGGGCAAGCCAAAGCCAACTACAGAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATAGGTAT	4199
Dp	4682	AGGGGCAAGCCAAAGCCAACTACAGAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATAGGTAT	4741
Qy	4200	CTATAGACAGTAGCGATTAACAAGTACATTAACAGCAAAATGATGTGGCACAGTTGATTAAC	4259
Dp	4742	CTATAGACAGTAGCGATTAACAAGTACATTAACAGCAAAATGATGTGGCACAGTTGATTAAC	4801
Qy	4260	CAATGAAGTTGGCCAAAGACCAAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCAGATGGCACATTGGC	4319
Dp	4802	CAATGAAGTTGGCCAAAGACCAAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCAGATGGCACATTGGC	4861
Qy	4320	TCAATGCAATGTCAATCACTCATTTAAACAAGAACGTAATGATGCCAATTAACAAACA	4379
Dp	4862	TCAATGCAATGTCAATCACTCATTTAAACAAGAACGTAATGATGCCAATTAACAAACA	4921
Qy	4380	AGGATCAATGAAGACCAAGCCCTTTGTTAAGACTGTGAAAGACCGCGTCTGATTAACAA	4439
Dp	4922	AGGATCAATGAAGACCAAGCCCTTTGTTAAGACTGTGAAAGACCGCGTCTGATTAACAA	4981
Qy	4440	AACCAAAAGCGCGCACTAATCTGTGGGTATTTAAATGCGCTTGGCCCAAAACCCCTGTAC	4499
Dp	4982	AACCAAAAGCGCGCACTAATCTGTGGGTATTTAAATGCGCTTGGCCCAAAACCCCTGTAC	5041
Qy	4500	CTTTTGCAGGGGATACAGGCAACAAGCGCTAATAAACTGGGCGAGACTTTGACCATTAAGG	4559
Dp	5042	CTTTTGCAGGGGATACAGGCGCAACAAGCGCTAATAAACTGGGCGAGACTTTGACCATTAAGG	5101
Qy	4560	TGGGCAAAACAGACCAACCAATTAAGCTTAACCCGATTAACATCGGTGGTGTAGACAGTAGCA	4619
Dp	5102	TGGGCAAAACAGACCAACCAATTAAGCTTAACCCGATTAACATCGGTGGTGTAGACAGTAGCA	5161
Qy	4620	TGGCTTCACTGTCAAACTTGTCCCAAAAGACCAATTTTAACAGCGTTAATGACAGGTGG	4679
Dp	5162	TGGCTTCACTGTCAAACTTGTCCCAAAAGACCAATTTTAACAGCGTTAATGACAGGTGG	5221
Qy	4680	CACCAAAATTTGATGACAAAGCGGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA	4739

Db	5222	CACCAAAATTGATGACAAAGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAA	5281
Qy	4740	CACCCCTGTGGTAAGTGGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCAATCACTAATGTGGG	4799
Db	5282	CACCCCTGTGCTAAGTGGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCAATCACTAATGTGGG	5341
Qy	4800	CAAGGCACAAAGATACCGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAAGCAAGTACGCACTT	4859
Db	5342	CAAAGGCACAAAGATACCGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAAGCAAGTACGCACTT	5401
Qy	4860	GTTGGGTCTGTATAGCTGATTAAGATTAAGGCTGACGGCATCAGTTAAACATTGCCGA	4919
Db	5402	GTTGGGTCTGTATAGCTGATTAAGATTAAGGCTGACGGCATCAGTTAAACATTGCCGA	5461
Qy	4920	CATCAAAAAAGACCCAAATTCAGGTTTCATCTAACCGCACTGTCATCAAAAGCAGCAC	4979
Db	5462	CATCAAAAAAGACCCAAATTCAGGTTTCATCTAACCGCACTGTCATCAAAAGCAGCAC	5521
Qy	4980	GGTACTGGCGGTAAAGGTAAATACGATACCGAAAAACCTTGCCACTGGTGTATCAAGT	5039
Db	5522	GGTACTGGCGGTAAAGGTAAATACGATACCGAAAAACCTTGCCACTGGTGTATCAAGT	5581
Qy	5040	GGGCTTGATTAAGACGGCAGCCTAACGGCGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCA	5099
Db	5582	GGGCTTGATTAAGACGGCAGCCTAACGGCGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCA	5641
Qy	5100	AAAAGTGGCAGCAAAAAAGCCCTGTGCGCACTTTAACGGCGCAGTCAACACCACTA	5159
Db	5642	AAAAGTGGCAGCAAAAAAGCCCTGTGCGCACTTTAACGGCGCAGTCAACACCACTA	5701
Qy	5160	TTTGGACCAACMACCCCGCAGAACCTTGTGACAGATTAATGAACAGATATCCGCTCTT	5219
Db	5702	TTTGGACCAACMACCCCGCAGAACCTTGTGACAGATTAATGAACAGATATCCGCTCTT	5761
Qy	5220	CCATGTCAACAGATGGCAATTAAGAGCCTGTGTACAAAGGCGGTACAGGCAATTGACTCAAG	5279
Db	5762	CCATGTCAACAGATGGCAATTAAGAGCCTGTGTACAAAGGCGGTACAGGCAATTGACTCAAG	5821
Qy	5280	TGCTTCAGGCAGACTCACTGCGATAGGTGTTTCAGAGCCAGGCAAGATGTGAACCCG	5339
Db	5822	TGCTTCAGGCAGACTCACTGCGATAGGTGTTTCAGAGCCAGGCAAGATGTGAACCCG	5881
Qy	5340	CGTTGCCATAGGCAGCAAAACCCAAAGGCAAGCAATTCATGCGCATCGGTATTAAGC	5399
Db	5882	CGTTGCCATAGGCAGCAAAACCCAAAGGCAAGCAATTCATGCGCATCGGTATTAAGC	5941
Qy	5400	ACAAGCCACGGGCATCAATCCATCGCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAACA	5459
Db	5942	ACAAGCCACGGGCATCAATCCATCGCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAACA	6001
Qy	5460	CTTGTGTCCATGCGGCGACCCAAAGCACTGTTAAGCGTGATTAACAGTACAGTGGGTAA	5519
Db	6002	CTTGTGTCCATGCGGCGACCCAAAGCACTGTTAAGCGTGATTAACAGTACAGTGGGTAA	6061
Qy	5520	TAAACAACAGTTTACCAGTGGCACTCAAAACCGATGTTTGGTGTGGCAATAACATCAC	5579
Db	6062	TAAACAACAGTTTACCAGTGGCACTCAAAACCGATGTTTGGTGTGGCAATAACATCAC	6121
Qy	5580	CGTGACCAAAAGTAATCTCGTGTGCTTAAGTTCAAACTCTCCATCAAGTGCAGGCAACA	5639
Db	6122	CGTGACCAAAAGTAATCTCGTGTGCTTAAGTTCAAACTCTCCATCAAGTGCAGGCAACA	6181
Qy	5640	CGCAGGCACAAAGCAAAAAATCTGACGGGCAAGCAGGTACAACACACACAGCAGGTGC	5699
Db	6182	CGCAGGCACACAAAGCAAAAAATCTGACGGGCAAGCAGGTACAACACACAGCAGGTGC	6241
Qy	5700	AACCGGTACGGTTTAAAGGCTTGTGTCGACAAACGGCGGTTGGTGGTCTCCGTGGGTGC	5759
Db	6242	AACCGGTACGGTTTAAAGGCTTGTGTCGACAAACGGCGGTTGGTGGTCTCCGTGGGTGC	6301
Qy	5760	CTCAGGTCTGTGAACGCCGTATCCAAAAATGTGGCACAGGTGAGGTCACTGCGACACAGAC	5819
Db	6302	CTCAGGTCTGTGAACGCCGTATCCAAAAATGTGGCACAGGTGAGGTCACTGCGACACAGAC	6361

```

OY 5820 CGATCGGCTCAATGGTATGACCAAGCCCAAGCCCAAGCATTTGCCAACGCACCAA 5879
      |||
      |||
      |||
DB 6362 CGATCGGCTCAATGGTATGACCAAGTGTGTACAAAGCCCAAGCATTTGCCAACGCACCAA 6421
      |||
      |||
      |||
OY 5880 TGAGCTTGACCATCTGATTCACACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCAGGATTTTCATCAGC 5939
      |||
      |||
      |||
DB 6422 TGAGCTTGACCATCTGATTCACACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCAGGATTTTCATCAGC 6481
      |||
      |||
      |||
OY 5940 GATGCGCATGGCGGTTCATGCGACCAAGCCTACATTTCTGTGGCAGATTCATGTTTACCGGGG 5999
      |||
      |||
      |||
DB 6482 GATGCGCATGGCGGTTCATGCGACCAAGCCTACATTTCTGTGGCAGATTCATGTTTACCGGGG 6541
      |||
      |||
      |||
OY 6000 TATTGGCACCCCAACACGTCGAGTGGCGGTGGCAAGTGGGACATGTCGAATGTCGATTA 6059
      |||
      |||
      |||
DB 6542 TATTGGCACCCCAACACGTCGAGTGGCGGTGGCAAGTGGGACATGTCGAATGTCGATTA 6601
      |||
      |||
      |||
OY 6060 TGGTCATATGGATTTTAATCAATGATGTTTCAAGCCGATACCCCAAGGCCATGTATGAGGGCGGC 6119
      |||
      |||
      |||
DB 6602 TGGTCATATGGATTTTAATCAATGATGTTTCAAGCCGATACCCCAAGGCCATGTATGAGGGCGGC 6661
      |||
      |||
      |||
OY 6120 AGTTGGTCAGGTTTTCACCTT 6141
      |||
      |||
      |||
DB 6662 AGTTGGTCAGGTTTTCACCTT 6683
      |||
      |||
      |||

RESULT 5
AAF59101
ID AAF59101 standard; DNA; 5979 BP.

AAF59101;
AAF59101;
24-APR-2001 (first entry)

M. catarrhalis strain 4223 lambdaEMBL3 clone 200kDa coding sequence #2.

XX DE M. catarrhalis strain 4223 major outer membrane protein;
XX KM 200kDa outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;
XX KM otitis media; detection; ds.
XX OS Moraxella catarrhalis.
XX PN WO200107619-A1.
XX PD 01-FEB-2001.
XX PF 26-JUL-2000; 2000MO-CA00870.
XX PR 27-JUL-1999; 99US-0361619.
XX PA (CONN-) CONNBUGHT LAB LTD.
XX PI Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH;
XX PT WPI: 2001-159722/16.
XX DR P-PSDB: AAB69133.

XX New nucleic acid encoding Moraxella catarrhalis outer membrane protein,
XX PT useful in protective vaccines and for diagnosis
XX PS Example 3; Fig 2A-W; 247pp; English.

XX The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
XX CC that encodes a 200 kDa outer membrane protein of Moraxella catarrhalis.
XX CC The 200 kDa outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
XX CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
XX CC immunogenic compositions and vaccines to protect against M. catarrhalis.
XX CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
XX CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
XX CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
XX CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kDa protein
XX CC genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrhalis.
XX CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.

```

CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the *Escherichia coli* host. The present sequence represents the
CC M. catarrhalis strain 4223 lambdaDEMBJ3 clone 200kba coding sequence,
CC which is used in the exemplification of the present invention.
XX
XX

Sequence 5979 BP; 1974 A; 1360 C; 1355 G; 1290 T; 0 other:

Query Match 97.3%; Score 5976; DB 22; Length 5979;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 5976; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 166 GTGATCGGTGCAACGCTGAGTGGAGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATC 225
DB 1 GTGATCGGTGCAACGCTGAGTGGAGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATC 60
QY 226 GCAATTTGTGAACAAACAGCCAGCAAGCGCTCAGCAGCTCCAGAGCGGAGTATGCA 285
DB 61 GCAATTTGTGAACAAACAGCCAGCAAGCGCTCAGCAGCTCCAGAGCGGAGTATGCA 120
QY 286 GCCATTGCTATGTTGTAAGTCTAACGACAGGCGGCTCAAGCGCATGCGCATGTAGT 345
DB 121 GCCATTGCTATGTTGTAAGTCTAACGACAGGCGGCTCAAGCGCATGCGCATGTAGT 180
QY 346 AGTAATAAAACTGTCAATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAA 405
DB 181 AGTAATAAAACTGTCAATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAA 240
QY 406 GAGTCATCCGCGATGCTGCTGATGATTAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGGT 465
DB 241 GAGTCATCCGCGATGCTGCTGATGATTAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGGT 300
QY 466 AGTGATGCTTACATTTGCTTGATGAGCATGATGCTTAAACATCCGAAGTACTCTG 525
DB 301 AGTGATGCTTACATTTGCTTGATGAGCATGATGCTTAAACATCCGAAGTACTCTG 360
QY 526 ATTAACGATCTTATTAACGGCCATGACATATTAAGAAAGATACGAAGCTCAAGATAT 585
DB 361 ATTAACGATCTTATTAACGGCCATGACATATTAAGAAAGATACGAAGCTCAAGATAT 420
QY 586 GATGTAATAATATAGACGCAACACCGCAAGCGGACAGCCAGTACTGCACTGGAGGCATG 645
DB 421 GATGTAATAATATAGACGCAACACCGCAAGCGGACAGCCAGTACTGCACTGGAGGCATG 480
QY 646 TCATATGACAGGGCTCATTTTCCAAAGCCTTTGGTACACGGGGCAATGCTAAAGTGGC 705
DB 481 TCATATGACAGGGCTCATTTTCCAAAGCCTTTGGTACACGGGGCAATGCTAAAGTGGC 540
QY 706 TATTCCTTTGGCAGTGGGCTTCCGCCACAGCCGAGGGCCATCTACATCGCTATTGGT 765
DB 541 TATTCCTTTGGCAGTGGGCTTCCGCCACAGCCGAGGGCCATCTACATCGCTATTGGT 600
QY 766 TCTGATGACACATCTAGCTCGTTGGGAGGATAGCCCTTTGGTGCAGTACTGCTGAC 825
DB 601 TCTGATGACACATCTAGCTCGTTGGGAGGATAGCCCTTTGGTGCAGTACTGCTGAC 660
QY 826 CTACAGGCGAGTATGCGCTAGGTCAGAGGTTCTGTTGCTACCTCAAGAGTATATATT 885
DB 661 CTACAGGCGAGTATGCGCTAGGTCAGAGGTTCTGTTGCTACCTCAAGAGTATATATT 720
QY 886 AGACGGGCTATACACCAATATCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATAAT 945
DB 721 AGACGGGCTATACACCAATATCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATAAT 780
QY 946 ACGAAGGGGGGTCACCTTTCCATTTGGTAGTACTATATCAACGTAATATCATATGTC 1005
DB 781 ACGAAGGGGGGTCACCTTTCCATTTGGTAGTACTATATCAACGTAATATCATATGTC 840
QY 1006 GGTGCGAGGTATTAATAAACCGCATGCGGCTCATGTGGCAGACCTAGAAAGCGGTGGANG 1065
DB 841 GGTGCGAGGTATTAATAAACCGCATGCGGCTCATGTGGCAGACCTAGAAAGCGGTGGANG 900
QY 1066 TGGGCTAAGAGCGTATGATTAATCTTTTCAGGGTGTATGATACAGTACTGACGTAAATAA 1125
DB 1125 TGGGCTAAGAGCGTATGATTAATCTTTTCAGGGTGTATGATACAGTACTGACGTAAATAA

DB 901 TGGGCTAAGAGCGTATGATTAATCTTTTCAGGGGATGATACAGTACTGACGTAAATAA 960
QY 1126 GGTGGTGAATAATCTTAACTTTAAAGTGGTGCAGAGACCAAGCATTAACCGTAAAT 1185
DB 961 GGTGGTGAATAATCTTAACTTTAAAGTGGTGCAGAGACCAAGCATTAACCGTAAAT 1020
QY 1186 AATATCGGTGTGTAATAAAGCGCTGATATAGGCTGCAAGGTTAACTTGCTAAACT 1245
DB 1021 AATATCGGTGTGTAATAAAGCGCTGATATAGGCTGCAAGGTTAACTTGCTAAACT 1080
QY 1246 TTAACAAATCTTACTGAGGTGAATACACTATTAATTAATGCCAACCAAGTAAAGTA 1305
DB 1081 TTAACAAATCTTACTGAGGTGAATACACTATTAATTAATGCCAACCAAGTAAAGTA 1140
QY 1306 GGTAGTAGTAGTAGTACTACAGCTGAATTTAGTATGATAGTTTAACTTTACCAAGCCC 1365
DB 1141 GGTAGTAGTAGTAGTACTACAGCTGAATTTAGTATGATAGTTTAACTTTACCAAGCCC 1200
QY 1366 AATACAGGCGAGTCAAAAGCAAGCAAAACCGTCTATAGGCGTTAATGGGTGAAGTTTACT 1425
DB 1201 AATACAGGCGAGTCAAAAGCAAGCAAAACCGTCTATAGGCGTTAATGGGTGAAGTTTACT 1260
QY 1426 AATATGCAAGAAACCAACAGCAGCAATCGGCACTACTCGTATTACAGAGATAAATTTGGC 1485
DB 1261 AATATGCAAGAAACCAACAGCAGCAATCGGCACTACTCGTATTACAGAGATAAATTTGGC 1320
QY 1486 TTTGCTCGAGATGTGATGTTGATGAAAAACAAGCAACCATTTTGGATTAATAACACTT 1545
DB 1321 TTTGCTCGAGATGTGATGTTGATGAAAAACAAGCAACCATTTTGGATTAATAACACTT 1380
QY 1546 AAGTGGTAGTGTGTTGCAATTTACATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1605
DB 1381 AAGTGGTAGTGTGTTGCAATTTACATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1440
QY 1606 AGTAATCTTCCAAAGAGTACAGTGTCAACGATGCGGTTACCATGCAACAGCTCAAGGCC 1665
DB 1441 AGTAATCTTCCAAAGAGTACAGTGTCAACGATGCGGTTACCATGCAACAGCTCAAGGCC 1500
QY 1666 GCCAAGCTTACTTTAAACGACAGCGCTGGCATCAGTGTACACACTTACTAATATTCAGTT 1725
DB 1501 GCCAAGCTTACTTTAAACGACAGCGCTGGCATCAGTGTACACACTTACTAATATTCAGTT 1560
QY 1726 GATGCTAAGAGTGGCAATTTTACCGCCCAACTTACATGATGATGATGATGATGATGATG 1785
DB 1561 GATGCTAAGAGTGGCAATTTTACCGCCCAACTTACATGATGATGATGATGATGATGATG 1620
QY 1786 CTTAACAGTATGACCTAGTATTAATTTAGTGAAGGATAGTGTACGAACAATATG 1845
DB 1621 CTTAACAGTATGACCTAGTATTAATTTAGTGAAGGATAGTGTACGAACAATATG 1680
QY 1846 TTAGTTACCGCGGACATTTTGGCAAGCTATCTTAATGAAGTCAATTCGAACGGCTGACAT 1905
DB 1681 TTAGTTACCGCGGACATTTTGGCAAGCTATCTTAATGAAGTCAATTCGAACGGCTGACAT 1740
QY 1906 GCTCTCAAGAGCTTACCTTAAAGAAAGAGATGATGAGCGCAACCTATACACCGTG 1965
DB 1741 GCTCTCAAGAGCTTACCTTAAAGAAAGAGATGATGAGCGCAACCTATACACCGTG 1800
QY 1966 GCTAAAGATACGACAAAAAATGCGCGCAGTACAGCTTTAAACTCAAAGTAAAAAC 2025
DB 1801 GCTAAAGATACGACAAAAAATGCGCGCAGTACAGCTTTAAACTCAAAGTAAAAAC 1860
QY 2026 GGTCTAAGGTTGCTACCAAAAAAGTGTAGCGTTACCTTTGGGCTTGGCAAGTATAC 2085
DB 1861 GGTCTAAGGTTGCTACCAAAAAAGTGTAGCGTTACCTTTGGGCTTGGCAAGTATAC 1920
QY 2086 GGTCTGACCATTTGGCAAAAGCAACCTTAACCAAGATGCTTGAATTTAAAGTATCAAC 2145
DB 1921 GGTCTGACCATTTGGCAAAAGCAACCTTAACCAAGATGCTTGAATTTAAAGTATCAAC 1980
QY 2146 GAACAATATCAAGTGGTGTAAATGCTAATTTAAATTTAAATGATGATGATGATGATGATG 2205
DB 1981 GAACAATATCAAGTGGTGTAAATGCTAATTTAAATTTAAATGATGATGATGATGATGATG 2040

Oy	2206	GGTACTGCGCATTTGCAAAATACGCGCTGCGATTACAGAGATAATAAATTTGGCTTGCTGCTGTTCT	2265
Db	2041	GGTACTGCGCATTTGCAAAATACGCGCTGCGATTACAGAGATAATAAATTTGGCTTGCTGCTGTTCT	2100
Oy	2266	GATGGTCAGATTGATATCAAAACCAACCTTATCTTGATCAAGACAGATACAGTTGGCAAT	2325
Db	2101	GATGGTCAGATTGATATCAAAACCAACCTTATCTTGATCAAGACAGATACAGTTGGCAAT	2160
Oy	2326	GTTTAAGTTTACCAACACTGGGCAATTAAAGCAGTGTGAAGGCATACAGAGCGCTGTGCCCA	2385
Db	2161	GTTTAAGTTTACCAACACTGGGCAATTAAAGCAGTGTGAAGGCATACAGAGCGCTGTGCCCA	2220
Oy	2386	ACACTGCGCTAGCATTTGCCGATCAAAAGTAGCCGCAACATGAACTGGGCAATACATCCAA	2445
Db	2221	ACACTGCGCTAGCATTTGCCGATCAAAAGTAGCCGCAACATGAACTGGGCAATACATCCAA	2280
Oy	2446	GACAAACCAAAATCCAAACGCTGGCAGCATTAATGATATTAATTAATACAGGCTTTAACCA	2505
Db	2281	GACAAACCAAAATCCAAACGCTGGCAGCATTAATGATATTAATTAATTAACAGGCTTTAACCA	2340
Oy	2506	AAAAATATATAACAACCCCATTTGACTTGTCTCCACTATATGACATTTGTTGACTTTGCCAAT	2565
Db	2341	AAAAATATATAACAACCCCATTTGACTTGTCTCCACTATATGACATTTGTTGACTTTGCCAAT	2400
Oy	2566	GGCAATGCGACACACCGGCAAGTAAACCCATGATATACCGGTATACCAAAACCACTAAAGTGTA	2625
Db	2401	GGCAATGCGACACACCGGCAAGTAAACCCATGATATACCGGTATACCAAAACCACTAAAGTGTA	2460
Oy	2626	TATGATGTGAATGTGATGTATACACCACTTCATCTTAACAGGCACTGATGACATTAATAAAA	2685
Db	2461	TATGATGTGAATGTGATGTATACACCACTTCATCTTAACAGGCACTGATGACATTAATAAAA	2520
Oy	2686	CTTGGCGTCAAAACACCACTCAAACTGAACAAACAAAGTGTAATGTATATACAGCAACTAAC	2745
Db	2521	CTTGGCGTCAAAACACCACTCAAACTGAACAAACAAAGTGTAATGTATATACAGCAACTAAC	2580
Oy	2746	TTTAAATGTTAACTCTAGTGATGAAGATGCCCTTGTTAAAGCCAAAGCATGCGCGGAAT	2805
Db	2581	TTTAAATGTTAACTCTAGTGATGAAGATGCCCTTGTTAAAGCCAAAGCATGCGCGGAAT	2640
Oy	2806	CTTAAACACCCCTTAGCCCAAGAAATTCACACCACCAAGCACAGACACCGCCTTCAA	2865
Db	2641	CTTAAACACCCCTTAGCCCAAGAAATTCACACCACCAAGCACAGACACCGCCTTCAA	2700
Oy	2866	ACCTTTACCGCTTTAAAAAGGTAGATGAATAATATATGATGAGAGCCACAGCCCATCAC	2925
Db	2701	ACCTTTACCGCTTTAAAAAGGTAGATGAATAATATATGATGAGAGCCACAGCCCATCAC	2760
Oy	2926	GTTGGGTCAAAAGAACGCAAAATATCAAGTCAACAGCCCTAAACACTCAAAAGTGAAAGCGT	2985
Db	2761	GTTGGGTCAAAAGAACGCAAAATATCAAGTCAACAGCCCTAAACACTCAAAAGTGAAAGCGT	2820
Oy	2986	CTTAAATATTTAAACCGCAAAATAAGTAGAGTTACCTTTGGCATTTAACACCAAGACGGT	3045
Db	2821	CTTAAATATTTAAACCGCAAAATAAGTAGAGTTACCTTTGGCATTTAACACCAAGACGGT	2880
Oy	3046	CTTAAAGCCGGCAAAAGCACCCCTAAACGACGCTGGCTGTATTAAAAACCCCACTGCT	3105
Db	2881	CTTAAAGCCGGCAAAAGCACCCCTAAACGACGCTGGCTGTATTAAAAACCCCACTGCT	2940
Oy	3106	AGGCAACAAATCCAACTGGGTGCTGATAGGGGTGAAGTTTCCAAAGGTTATATATATGTT	3165
Db	2941	AGGCAACAAATCCAACTGGGTGCTGATAGGGGTGAAGTTTCCAAAGGTTATATATATGTT	3000
Oy	3166	GTTTGTAGTGTCTGCGCATTTGATGCGCAACAATCGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTTACT	3225
Db	3001	GTTTGTAGTGTCTGCGCATTTGATGCGCAACAATCGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTTACT	3060
Oy	3226	GGGACATAATAGGCTCACTTGATATTAAGGCAAAACCCCACTAAGCAAAAGCGCATTTAAGCA	3285
Db	3061	GGGACATAATAGGCTCACTTGATATTAAGGCAAAACCCCACTAAGCAAAAGCGCATTTAAGCA	3120

Qy	3286	GGTGGTAAAGAAATTACCAACATTTCAATCAGTGAATGTGCCCAAAACAGCCATGATGCT	3345
Db	3121	GGTGGTAAAGAAATTACCAACATTTCAATCAGTGAATGTGCCCAAAACAGCCATGATGCT	3180
Qy	3346	GTGACAGGGGGGACATTTTATGATTTATAAAAACCGAACTTGAAAAACAAATATGACGATCT	3405
Db	3181	GTGACAGGGGGGACATTTTATGATTTATAAAAACCGAACTTGAAAAACAAATATGACGATCT	3240
Qy	3406	GGCAAAACGACACAACACTCAATTACACGAATTTCTAGTAGCAGATGAACAAGATATATAC	3465
Db	3241	GGCAAAACGACACAACACTCAATTACACGAATTTCTAGTAGCAGATGAACAAGATATATAC	3300
Qy	3466	TTTACGGTTAGTAAACCTTACTCCAGTTATGACACTTAAGAGACCTCGATGTATCCAC	3525
Db	3301	TTTACGGTTAGTAAACCTTACTCCAGTTATGACACTTAAGAGACCTCGATGTATCCAC	3360
Qy	3526	TTTTGACGTGAAGAACGGCATTTACCAACGAAGTAAATAAAGTGTGGTGCGTGTGGGCAATT	3585
Db	3361	TTTTGACGTGAAGAACGGCATTTACCAACGAAGTAAATAAAGTGTGGTGCGTGTGGGCAATT	3420
Qy	3586	GACCAAAACCAAAAGGCTTAACCAACGCTTAAGTACCGCTGGGTAAATATATGATGGCAAGGC	3645
Db	3421	GACCAAAACCAAAAGGCTTAACCAACGCTTAAGTACCGCTGGGTAAATATATGATGGCAAGGC	3480
Qy	3646	ATTGTGATTGACAGCCAAATATGTCAAAATACCATTACACAGACTAAGCAACACTTACCT	3705
Db	3481	ATTGTGATTGACAGCCAAATATGTCAAAATACCATTACACAGACTAAGCAACACTTACCT	3540
Qy	3706	AATGTTACCAGATATTAAGGTAGCGTACGACACCAACGAACAGGGCAATTTATCAAAAGC	3765
Db	3541	AATGTTACCAGATATTAAGGTAGCGTACGACACCAACGAACAGGGCAATTTATCAAAAGC	3600
Qy	3766	GAGACACAAACCCGTGCGCGCACACATTTGTTGATGTCTAAAGGCAAGCTTTAACTTGCAA	3825
Db	3601	GAGACACAAACCCGTGCGCGCACACATTTGTTGATGTCTAAAGGCAAGCTTTAACTTGCAA	3660
Qy	3826	GGCAATGGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACGTCACAATTTGGCCGATGGC	3885
Db	3661	GGCAATGGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACGTCACAATTTGGCCGATGGC	3720
Qy	3886	AATGCCACCAACCGGTAGGTGACTTATGATGACACAAGCAAAACCAAGTAAAGTGTCTAT	3945
Db	3721	AATGCCACCAACCGGTAGGTGACTTATGATGACACAAGCAAAACCAAGTAAAGTGTCTAT	3780
Qy	3946	GATGTCATATGTGATGATACAAACCATTTGAAGTTAAGATTAATAAAACTTTGGCCGTAATAAAC	4005
Db	3781	GATGTCATATGTGATGATACAAACCATTTGAAGTTAATAATAAAACTTTGGCCGTAATAAAC	3840
Qy	4006	ACCAATTGACCACTACTGGCAGCAGGTGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTTACT	4065
Db	3841	ACCAATTGACCACTACTGGCAGCAGGTGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTTACT	3900
Qy	4066	GGCAGATGGCTTTGTCAAAGGCGCAGTATATCGTTGCTCATCTAANACCTTATCTGGCGAC	4125
Db	3901	GGCAGATGGCTTTGTCAAAGGCGCAGTATATCGTTGCTCATCTAANACCTTATCTGGCGAC	3960
Qy	4126	ATCCAACTGCCAAAGGGGCAAGCCAAAGCCGAACCAACTCAGAGGCTTTGTGGATGCTGAT	4185
Db	3961	ATCCAACTGCCAAAGGGGCAAGCCAAAGCCGAACCAACTCAGAGGCTTTGTGGATGCTGAT	4020
Qy	4186	GGCAATAGGTGATCTATAGACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGCCCAAAATGATGGC	4245
Db	4021	GGCAATAGGTGATCTATAGACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGCCCAAAATGATGGC	4080
Qy	4246	ACAGTTGATTAANAACCAAGAAAGTTGCCCAAGACAAACTGGTGGCCCAAGCCCAAAACCCCA	4305
Db	4081	ACAGTTGATTAANAACCAAGAAAGTTGCCCAAGACAAACTGGTGGCCCAAGCCCAAAACCCCA	4140
Qy	4306	GATGGACATTTGGCTCAATGATGATGTCAAATCAGCTATTATCAAGAAACAAGTAAATGAT	4365
Db	4141	GATGGACATTTGGCTCAATGATGATGTCAAATCAGCTATTATCAAGAAACAAGTAAATGAT	4200
Qy	4366	GCCATTTAAANAAGCAAGGCATCAATGAAGACAACGCCCTTTGTTAAAGCACTTTGAAAAGCC	4425

Db	5281	GTAGSAGAGTAAGCACTCTGGTGGCATCGGGGAGACCAGACACTGTTAAGGTCGATTAACAGT	5340
Qy	5506	TACAGTGTGGGTATATAACAACAACAGTTTACCAGATGCCACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGTG	5565
Db	5341	TACAGTGTGGGTATATAACAACAACAGTTTACCAGATGCCACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGTG	5400
Qy	5566	GGCAATTAACATCAACCCGTGACCCGAAATTAACCTGGTGTGCTTAAAGTTTCAAACTCTGCCCATC	5625
Db	5401	GGCAATTAACATCAACCCGTGACCCGAAATTAACCTGGTGTGCTTAAAGTTTCAAACTCTGCCCATC	5460
Qy	5626	AGTCCAGGACACACAGCAGCAGCACACAAGCCAAAATAATCTGACGGCACAAGCAGGTACAAAC	5685
Db	5461	AGTCCAGGACACACAGCAGCAGCACACAAGCCAAAATAATCTGACGGCACAAGCAGGTACAAAC	5520
Qy	5686	ACCACAGCAGGTGCACACCCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGGACAAACGGCGGTTGGTGGC	5745
Db	5521	ACCACAGCAGGTGCACACCCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGGACAAACGGCGGTTGGTGGC	5580
Qy	5746	GTCCTCCGTGGGTGCTTCAGGTGCTGAACGCCGATTCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGTGC	5805
Db	5581	GTCCTCCGTGGGTGCTTCAGGTGCTGAACGCCGATTCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGTGC	5640
Qy	5806	AGTCCACACACAGCAGCCGATGGGGGTGCATGGTAGGCAGTGTGTACAAAGCCACCAAGACATT	5865
Db	5641	AGTCCACACACAGCAGCCGATGGGGGTGCATGGTAGGCAGTGTGTACAAAGCCACCAAGACATT	5700
Qy	5866	GCCACACCAACCAATGAGCTTGACATCGATTCACACCAAGAAATTAAGGCCAATGCA	5925
Db	5701	GCCACACCAACCAATGAGCTTGACATCGATTCACACCAAGAAATTAAGGCCAATGCA	5760
Qy	5926	GGGATTTTCATCAGCGATGGCGATGGCGGTCCATGCCACAAGCCTACATTCTTGGCAGATCC	5985
Db	5761	GGGATTTTCATCAGCGATGGCGATGGCGGTCCATGCCACAAGCCTACATTCTTGGCAGATCC	5820
Qy	5986	ATGATTTCCGGGGGTATTGGCCACCACAACCGGTCAAGGTGGCGAGTGGGACTGTGCG	6045
Db	5821	ATGATTTCCGGGGGTATTGGCCACCACAACCGGTCAAGGTGGCGAGTGGGACTGTGCG	5880
Qy	6046	AAGCTGTCGATTAATGGTCAATGGGTATTTAAATCAATCAATGTTTCAGCCGATACCCAGAGC	6105
Db	5881	AAGCTGTCGATTAATGGTCAATGGGTATTTAAATCAATCAATGTTTCAGCCGATACCCAGAGC	5940
Qy	6106	CATGTAGGGGGCGGACAGTTGGTGCAGAGTTTTCACCTTT	6141
Db	5941	CATGTAGGGGGCGGACAGTTGGTGCAGAGTTTTCACCTTT	5976
RESULT: 6			
AAFS9106			
ID	AAFS9106 standard; DNA: 6259 BP.		
XX	AAFS9106;		
XX	24-APR-2001 (first entry)		
DE	M. catarrhalis M56 200kda gene in PK3348 SEQ ID NO:12.		
KW	Moraxella catarrhalis strain 08; major outer membrane protein;		
KW	200kda outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;		
KW	otitis media; detection; ds.		
XX	Moraxella catarrhalis.		
XX	W0200107619-A1.		
XX	01-FEB-2001.		
XX	26-JUL-2000; 2000MO-CA00870.		
XX	27-JUL-1999; 990US-0361619.		
XX	(CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.		

PI Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH:
XX WPI; 2001-159722/16.
DR P-PSDB; AAB69127.
XX
PT New nucleic acid encoding *Moraxella catarrhalis* outer membrane protein,
XX useful in protective vaccines and for diagnosis
PS Claim 1; Fig 8A-V; 247pp: English.
XX
CC The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
CC that encodes a 200 kDa outer membrane protein of *Moraxella catarrhalis*.
CC The 200 kDa outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
CC immunogenic compositions and vaccines to protect against *M. catarrhalis*
CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kDa protein
CC genes from other strains, and for diagnostic detection of *M. catarrhalis*.
CC (I) makes possible production of large amount of recombinant immunogens.
CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the *Escherichia coli* host. The present sequence represents the
CC *M. catarrhalis* M56 200kDa gene in PK348, which is given in the
CC exemplification of the present invention.
XX
SQ Sequence 6259 BP; 2067 A; 1414 C; 1393 G; 1385 T; 0 other:
Query Match 97.3%; Score 5975; DB 22; Length 6259;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 5975; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
XX
QY 167 TGATCGGTGCAACGCTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCG 226
DB 2 TGATCGGTGCAACGCTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCG 61
QY 227 CAATTGGTGAACAAACAGCCAGACGCTCAGCAGCTGCCAAGCGGAGCGGTATCG 286
DB 62 CAATTGGTGAACAAACAGCCAGACGCTCAGCAGCTGCCAAGCGGAGCGGTATCG 121
QY 287 CCATTGCTATTGGTGAAGAAATGCTAAGCAGCAGCGGCTCAAGCCATCGGCTGTA 346
DB 122 CCATTGCTATTGGTGAAGAAATGCTAAGCAGCAGCGGCTCAAGCCATCGGCTGTA 181
QY 347 GTAATAAAGCTGCAATGGAAGAGTTGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAG 406
DB 182 GTAATAAAGCTGCAATGGAAGAGTTGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAG 241
QY 407 AGTCCATGCGCATCGGTGATGTAAGAGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGGTA 466
DB 242 AGTCCATGCGCATCGGTGATGTAAGAGCTAGTGTGATGCTCGATTCGATCGGTA 301
QY 467 GTGATGACTTACATTTGCTGTGATCAGCATGTAATCCTAATCGGAAGGTACTCTGA 526
DB 302 GTGATGACTTACATTTGCTGTGATCAGCATGTAATCCTAATCGGAAGGTACTCTGA 361
QY 527 TTAACGATCTTTTAAAGCGGCATGCAATTAATAAGAAATACGAAGCTCAAGGATTAATG 586
DB 362 TTAACGATCTTTTAAAGCGGCATGCAATTAATAAGAAATACGAAGCTCAAGGATTAATG 421
QY 587 ATGTAATAATATAGCAGCAGACCGCAGGAGGAGCAGCCAGTACTGAGTGGGAGGCATGT 646
DB 422 ATGTAATAATATAGCAGCAGACCGCAGGAGGAGCAGCCAGTACTGAGTGGGAGGCATGT 481
QY 647 CAAATGACAGGGGTCAATTTTCCAAAGCCTTTGCTACAGGGGCAACAGCTAAAGTGCT 706
DB 482 CAAATGACAGGGGTCAATTTTCCAAAGCCTTTGCTACAGGGGCAACAGCTAAAGTGCT 541
QY 707 ATTTCCTTGGCAGTGGGTCTTGGCCGACAGCCGAGGGCCAAATCTACAATTCGATTTGGTT 766
DB 542 ATTTCCTTGGCAGTGGGTCTTGGCCGACAGCCGAGGGCCAAATCTACAATTCGATTTGGTT 601
QY 767 CTGATGCAACATCTAGTCTGTTGGAGGATAGCCCTTGGTGCAGGTACTGCTGACAG 826

DB 602 CTGATGCAACATCTAGTCTGTTGGAGCGGTATAGCCCTTGGTGCAGGTACTCGGTGACAG 661
QY 827 TACAGGCGAGTATTTGCCCTAGTCAAGGTTCTGTGTCACTCAGAGTATTAATTTCA 886
DB 662 TACAGGCGAGTATTTGCCCTAGTCAAGGTTCTGTGTCACTCAGAGTATTAATTTCA 721
QY 887 GACCGGCTTATACCAAAATACCCAGGACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATA 946
DB 722 GACCGGCTTATACCAAAATACCCAGGACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATA 781
QY 947 CGAAGGCGGCTCAGCTTTGCTAGTATCTATCAACGTAATCAATCATATGTCG 1006
DB 782 CGAAGGCGGCTCAGCTTTGCTAGTATCTATCAACGTAATCAATCATATGTCG 841
QY 1007 GTGCAAGTGTTAATAAAGCAGTCCGATGAGGAGGAGCTGGAAGCGGTGAGT 1066
DB 842 GTGCAAGTGTTAATAAAGCAGTCCGATGAGGAGGAGCTGGAAGCGGTGAGT 901
QY 1067 GGGCTAAGGAGGATGATTTTCAAGGCTGATTAACAGTACTAGCTAATAATAG 1126
DB 902 GGGCTAAGGAGGATGATTTTCAAGGCTGATTAACAGTACTAGCTAATAATAG 961
QY 1127 GTTGGATTAATCTTTAACTTAAAGTGGTGCAGAGACCAAGCATTAAACGATATA 1186
DB 962 GTTGGATTAATCTTTAACTTAAAGTGGTGCAGAGACCAAGCATTAAACGATATA 1021
QY 1187 ATATCGGTGTGTAAGAAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGAACCTT 1246
DB 1022 ATATCGGTGTGTAAGAAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGAACCTT 1081
QY 1247 TAAACATCTTACTAGTGTGAATACACTACATTAATGCCAAGCAGTAAAGTAG 1306
DB 1082 TAAACATCTTACTAGTGTGAATACACTACATTAATGCCAAGCAGTAAAGTAG 1141
QY 1307 GTAGTGTGTGTGTACTAGTGTGAATTAATGATGATTAAGTTAACTTAACTTAA 1366
DB 1142 GTAGTGTGTGTGTACTAGTGTGAATTAATGATGATTAAGTTAACTTAACTTAA 1201
QY 1367 ATACAGGAGTCAAGCAGCAGCAAGCAAAACCGTCTATGGGCTTAATGGGTAAGTTACTA 1426
DB 1202 ATACAGGAGTCAAGCAGCAGCAAGCAAAACCGTCTATGGGCTTAATGGGTAAGTTACTA 1261
QY 1427 ATATGAGAGAAACAGACAGCAATGCGCACTACTGTATTAACAGATTAATTTGCT 1486
DB 1262 ATATGAGAGAAACAGACAGCAATGCGCACTACTGTATTAACAGATTAATTTGCT 1321
QY 1487 TTGCTGAGATGTGTATGTTGATGAATAACAGCAGCATATTTGGATTAATAAACAATT 1546
DB 1322 TTGCTGAGATGTGTATGTTGATGAATAACAGCAGCATATTTGGATTAATAAACAATT 1381
QY 1547 AAGTGGGTACTGTGCAATTAACATAGCAATGCAATGCAATGATGAGGATTAATAAAGATCA 1606
DB 1382 AAGTGGGTACTGTGCAATTAACATAGCAATGCAATGCAATGATGAGGATTAATAAAGATCA 1441
QY 1607 GTATCTTGGCAAAAGTAGCAGTGAAGTACGATCGGTTACATCGAAGCAGTCAAAAGCCG 1666
DB 1442 GTATCTTGGCAAAAGTAGCAGTGAAGTACGATCGGTTACATCGAAGCAGTCAAAAGCCG 1501
QY 1667 CCAAGCTACTTTTAAAGCAGGCGCTGGCATCAGTGCACACCTACTAGAAATTCAGTTG 1726
DB 1502 CCAAGCTACTTTTAAAGCAGGCGCTGGCATCAGTGCACACCTACTAGAAATTCAGTTG 1561
QY 1727 ATGCTAAGAGTGGCAATGTTAACCCGCCCACTTACACATATGCGGTGAANAACAGGAGC 1786
DB 1562 ATGCTAAGAGTGGCAATGTTAACCCGCCCACTTACACATATGCGGTGAANAACAGGAGC 1621
QY 1787 TTAACAGTATGACAGTATGATTAATTTAGTGTAAAGGTAAGTGAACCAATATGCT 1846
DB 1622 TTAACAGTATGACAGTATGATTAATTTAGTGTAAAGGTAAGTGAACCAATATGCT 1681
QY 1847 TAGCTAAGCGGCAAGCTATGCAAGCTATCTAATGAAGTCAATGCAAGCGGTGACAGT 1906

Db 1682 TAGTACCCTCGACACATTTGGCAGCTATCTAAATGATGATCAATCGACGGCTGACAGTG 1741
QY 1907 CTTCTACAAAGCTTTACCGCTTAAAGAAAGAGACGATGATACGGCAACGGCTATACCGCTGG 1966
Db 1742 CTTCTACAAAGCTTTACCGCTTAAAGAAAGAGACGATGATACGGCAACGGCTATACCGCTGG 1801
QY 1967 CTTAAAGATACGACAAATAATGCGGCGGCGATGAGCATCTTTAAAACTCAAAAGGTAAAGG 2026
Db 1802 CTTAAAGATACGACAAATAATGCGGCGGCGATGAGCATCTTTAAAACTCAAAAGGTAAAGG 1861
QY 2027 GTCTAACGGTGTCTACCAAAAAAGATGTACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGATAGCG 2086
Db 1862 GTCTAACGGTGTCTACCAAAAAAGATGTACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGATAGCG 1921
QY 2087 GTCTGACATGTGGCAAAAGACACCCCTAACACAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAG 2146
Db 1922 GTCTGACATGTGGCAAAAGACACCCCTAACACAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAG 1981
QY 2147 AACAAATCCAAAGTCGGTGTAAATGGCATTAAATTTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAG 2206
Db 1982 AACAAATCCAAAGTCGGTGTAAATGGCATTAAATTTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAG 2041
QY 2207 GTACTGGCATTTGCAATTAACCGCTCGCATTAACAGAGATAAATTTGGCTGTGCTG 2266
Db 2042 GTACTGGCATTTGCAATTAACCGCTCGCATTAACAGAGATAAATTTGGCTGTGCTG 2101
QY 2267 ATGGTGCATGTGATACAAACAACTTATCTGATACAGACAGATGCAAGTTGGCAATG 2326
Db 2102 ATGGTGCATGTGATACAAACAACTTATCTGATACAGACAGATGCAAGTTGGCAATG 2161
QY 2327 TTAAGATTACCAACATCGGCATTAAACGACAGTGGTAAAGCCATCAGAGGGCTGTCCCAA 2386
Db 2162 TTAAGATTACCAACATCGGCATTAAACGACAGTGGTAAAGCCATCAGAGGGCTGTCCCAA 2221
QY 2387 CACTGCTGTGATTCGGGATCAAGTAGTACCGGCAACATAGACTGGCAATATACATCCAG 2446
Db 2222 CACTGCTGTGATTCGGGATCAAGTAGTACCGGCAACATAGACTGGCAATATACATCCAG 2281
QY 2447 ACAAAACAAATTCGAACGGTGGCAGCATTAATGATATATTAATATACAGGTTAACTTA 2506
Db 2282 ACAAAACAAATTCGAACGGTGGCAGCATTAATGATATATTAATATACAGGTTAACTTA 2341
QY 2507 AAAATATATACAAACCCCATTTGACTTTGTCTCACTTATGACATTTGTGACTTTGCCAATG 2566
Db 2342 AAAATATATACAAACCCCATTTGACTTTGTCTCACTTATGACATTTGTGACTTTGCCAATG 2401
QY 2567 GCAATGCCACACCGGCAAGTACACCATGATACCGCTTAACAAACAGTAAAGTGTAT 2626
Db 2402 GCAATGCCACACCGGCAAGTACACCATGATACCGCTTAACAAACAGTAAAGTGTAT 2461
QY 2627 ATGATGTGATGTGATGATACACCATTCATCTACAGGCACTGATGCAATTAATAAAC 2686
Db 2462 ATGATGTGATGTGATGATACACCATTCATCTACAGGCACTGATGCAATTAATAAAC 2521
QY 2687 TTGGCTCAAAAACCAACTGTAACAAAACAAGTCTAATGTATATACAGCAACTACT 2746
Db 2522 TTGGCTCAAAAACCAACTGTAACAAAACAAGTCTAATGTATATACAGCAACTACT 2581
QY 2747 TTAATGTATCTGTAGTGAAGATGCCCTTTGTAACGCCAAAGACATGCCGAAATATC 2806
Db 2582 TTAATGTATCTGTAGTGAAGATGCCCTTTGTAACGCCAAAGACATGCCGAAATATC 2641
QY 2807 TTAACACCCCTAGCCAAAGAAATTCACACCAAGGACAGAGACACCGCCCTTCAAA 2866
Db 2642 TTAACACCCCTAGCCAAAGAAATTCACACCAAGGACAGAGACACCGCCCTTCAAA 2701
QY 2867 CCTTACCGTTAAAAAGTATGATGAATTAATATCTGTATGACGCAACGCCATCACCG 2926
Db 2702 CCTTACCGTTAAAAAGTATGATGAATTAATATCTGTATGACGCAACGCCATCACCG 2761
QY 2927 TGGGTCAAAAAGACGCAATATATCAAGTCAACACCTTAACATCTCAAAAGGTGAAGCGT 2986
Db 2762 TGGGTCAAAAAGACGCAATATATCAAGTCAACACCTTAACATCTCAAAAGGTGAAGCGT 2821

QY 2987 TTAATATTTAAACCGACAAAATGTTACGGTGTACCTTTGGCATTAACACCAAGCGT 3046
Db 2822 TTAATATTTAAACCGACAAAATGTTACGGTGTACCTTTGGCATTAACACCAAGCGT 2881
QY 3047 TTAACCGCGGCAAAAGCACCCCTTAAGACGGTGGCTTGTCTATTTAAAAACCCCATGTGA 3106
Db 2882 TTAACCGCGGCAAAAGCACCCCTTAAGACGGTGGCTTGTCTATTTAAAAACCCCATGTGA 2941
QY 3107 GCGAACAAATCCAAAGTCGGTGTGATGGGTGAAGTTTGGCAAGGTTAATATATGTTG 3166
Db 2942 GCGAACAAATCCAAAGTCGGTGTGATGGGTGAAGTTTGGCAAGGTTAATATATGTTG 3001
QY 3167 TTGTAGTGTGTCATTTGATGGCACAACCTGGCATTTACAGAGATGAAATTTGGCTTACTG 3226
Db 3002 TTGTAGTGTGTCATTTGATGGCACAACCTGGCATTTACAGAGATGAAATTTGGCTTACTG 3061
QY 3227 GGAATAATGGCTACCTGATTAAGCAAAACCCACCTTAAGCAAAAGACGATTAACGAG 3286
Db 3062 GGAATAATGGCTACCTGATTAAGCAAAACCCACCTTAAGCAAAAGACGATTAACGAG 3121
QY 3287 GTGTAAAAAGATTACCAATTCATCAGGTAGATTGGCCAAACAGCATGATGCTG 3346
Db 3122 GTGTAAAAAGATTACCAATTCATCAGGTAGATTGGCCAAACAGCATGATGCTG 3181
QY 3347 TGACAGGCGGCAAGATTTATGATTTAAACCGCACTTGAACCAAAATCAGCAGTACTG 3406
Db 3182 TGACAGGCGGCAAGATTTATGATTTAAACCGCACTTGAACCAAAATCAGCAGTACTG 3241
QY 3407 CCAAAACGACCAAAACCTCATACAGCAATTTCTAGTAGAGATGAACAAGTATTAAT 3466
Db 3242 CCAAAACGACCAAAACCTCATACAGCAATTTCTAGTAGAGATGAACAAGTATTAAT 3301
QY 3467 TTACGGTTATTAACCTTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTGTGATGTATACCT 3526
Db 3302 TTACGGTTATTAACCTTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTGTGATGTATACCT 3361
QY 3527 TTGACAGTGAAGAGGATTAACCAAGGTAATTAAGGTGTTGGTGGGCTG 3586
Db 3362 TTGACAGTGAAGAGGATTAACCAAGGTAATTAAGGTGTTGGTGGGCTG 3421
QY 3587 ACCAAACCAAAAGGCTTAACACGCTTAAGCTGAACCGTGGTAAATATATGCAAAAGCA 3646
Db 3422 ACCAAACCAAAAGGCTTAACACGCTTAAGCTGAACCGTGGTAAATATATGCAAAAGCA 3481
QY 3647 TTGTCAATGACAGGCAAAATGTTCAAAATACATCAGAGCACTTAAGCACTCTAGCTA 3706
Db 3482 TTGTCAATGACAGGCAAAATGTTCAAAATACATCAGAGCACTTAAGCACTCTAGCTA 3541
QY 3707 ATGTACCAATGATTAAGGATGAAGGTACGACACAGAAAGGCAATATATCAAAAGAG 3766
Db 3542 ATGTACCAATGATTAAGGATGAAGGTACGACACAGAAAGGCAATATATCAAAAGAG 3601
QY 3767 AAGACAAACCCGTGCGGCGGCAAGTGTGATGTGTAAGCGAGGCTTTAACTTGCAG 3826
Db 3602 AAGACAAACCCGTGCGGCGGCAAGTGTGATGTGTAAGCGAGGCTTTAACTTGCAG 3661
QY 3827 GCAATGTGAAGGCTTGAATTTGTCTCCACTATGACACCGTCACTTTGCCGATGGCA 3886
Db 3662 GCAATGTGAAGGCTTGAATTTGTCTCCACTATGACACCGTCACTTTGCCGATGGCA 3721
QY 3887 ATGCAACACCGGTAAGGTACCTATGATGACAAAGCAAAACAGTAAGGTGTTATG 3946
Db 3722 ATGCAACACCGGTAAGGTACCTATGATGACAAAGCAAAACAGTAAGGTGTTATG 3781
QY 3947 ATGTCAATGTGATGATACCAACCATTTAAAGTAAAGAACTTTGGCTAAAGCA 4006
Db 3782 ATGTCAATGTGATGATACCAACCATTTAAAGTAAAGAACTTTGGCTAAAGCA 3841
QY 4007 CCACATTTGACAGTACTGGCAGAGTGTCTAATTAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTACTG 4066
Db 3842 CCACATTTGACAGTACTGGCAGAGTGTCTAATTAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTACTG 3901

Qy	4067	GCgATGCGcTTGTCAAGGCCAGTgATATcGTtGCTCAATCTAAACACcTTTATCTGCGGACA	4126
Db	3902	GCgATGCGcTTGTCAAGGCCAGTgATATcGTtGCTCAATCTAAACACcTTTATCTGCGGACA	3961
Qy	4127	TCCAAAcTGGCCAAAGGGCCAGcCAGCCAAAGCAcTCAcTCAcGAGcGCTATGTGGATGCTgATG	4186
Db	3962	TCCAAAcTGGCCAAAGGGCCAGcCAGCCAAAGCAcTCAcTCAcGAGcGCTATGTGGATGCTgATG	4021
Qy	4187	GCAATTAAGGTcATcTATgACAGTACcGATTAACAAGTACTATCAAGCCCAAAATATgATGGCA	4246
Db	4022	GCAATTAAGGTcATcTATgACAGTACcGATTAACAAGTACTATCAAGCCCAAAATATgATGGCA	4081
Qy	4247	CAGTtGATTAACCAAAAGAGTtGGCCAAAGACAAAcTGGTGGCCCAAGCCCAAAcCCcAG	4306
Db	4082	CAGTtGATTAACCAAAAGAGTtGGCCAAAGACAAAcTGGTGGCCCAAGCCCAAAcCCcAG	4141
Qy	4307	ATGGCAcATTTGGcTCAAAATGAATGTCAAAATCAcTcATTAAACAAGAACAcTAAATATG	4366
Db	4142	ATGGCAcATTTGGcTCAAAATGAATGTCAAAATCAcTcATTAAACAAGAACAcTAAATATG	4201
Qy	4367	CCAATTAACCAAGGCATCAATTGAAGACAAAGCCcTTTGTTAAGAGcTTTAAAAAGCCG	4426
Db	4202	CCAATTAACCAAGGCATCAATTGAAGACAAAGCCcTTTGTTAAGAGcTTTAAAAAGCCG	4261
Qy	4427	CTTCTGATTAACAAACCAAAACAGCCCGcAGTAcTGTGGGTGATTAAATGCGcTTTGGCC	4486
Db	4262	CTTCTGATTAACAAACCAAAACAGCCCGcAGTAcTGTGGGTGATTAAATGCGcTTTGGCC	4321
Qy	4487	AAACACCGcTGACcTTTGGACGGGGATACAGGCACAACGGcCTTAAAAACcTGGCGAGACTT	4546
Db	4322	AAACACCGcTGACcTTTGGACGGGGATACAGGCACAACGGcCTTAAAAACcTGGCGAGACTT	4381
Qy	4547	TGACATCTCAAAAGSTGGGCCAAACAGACACCAATTAcCTAAACcCATATATACATCGcGTGG	4606
Db	4382	TGACATCTCAAAAGSTGGGCCAAACAGACACCAATTAcCTAAACcCATATATACATCGcGTGG	4441
Qy	4607	TACAGGTACTGATGGcCTTCAcGTCAAAcCTTCCAAAGACCTTAACCAATCTTAAACAGcG	4666
Db	4442	TACAGGTACTGATGGcCTTCAcGTCTCAAAcCTTCCAAAGACCTTAACCAATCTTAAACAGcG	4501
Qy	4667	TTAATGcAGGTGGcACCAAAATTTGATGACAAAGGCcGTGTCTTTTGTAGACTCAAGGGcTC	4726
Db	4502	TTAATGcAGGTGGcACCAAAATTTGATGACAAAGGCcGTGTCTTTTGTAGACTCAAGGGcTC	4561
Qy	4727	AAGCCAAAGCAAAcCCcCTGTGTCTTAAGTGCcCAATGGGGcTGACcCTGGGGTGGCAAGcTCA	4786
Db	4562	AAGCCAAAGCAAAcCCcCTGTGTCTTAAGTGCcCAATGGGGcTGACcCTGGGGTGGCAAGcTCA	4621
Qy	4787	TCACTTAATGTGGCAAAAGcGACAAAGATACCGAcCGcTGCcAATGTACAACAcCTTAAAGc	4846
Db	4622	TCACTTAATGTGGCAAAAGcGACAAAGATACCGAcCGcTGCcAATGTACAACAcCTTAAAGc	4681
Qy	4847	AAGTACGCAcCTTTGGGTCTTGGTAAATGTCTGGTAAATGAATACGGcTGAAGGCAATACAG	4906
Db	4682	AAGTACGCAcCTTTGGGTCTTGGTAAATGTCTGGTAAATGAATACGGcTGAAGGCAATACAG	4741
Qy	4907	TAAACATTTGGcCAATCAAAAAAACCCCAATTTGAGcTTTCACTATCTTAACCGAcCTGTCA	4966
Db	4742	TAAACATTTGGcCAATCAAAAAAACCCCAATTTGAGcTTTCACTATCTTAACCGAcCTGTCA	4801
Qy	4967	TCAAAGcAGGCAGcGTACTTGGCGGTAAAGTAAAGTAAACATACCGcGAAAAAcCTTGGCCAcTG	5026
Db	4802	TCAAAGcAGGCAGcGTACTTGGCGGTAAAGTAAAGTAAACATACCGcGAAAAAcCTTGGCCAcTG	4861
Qy	5027	GTGGTATTAACAAGTGGGGcTGGATTAAGAcGGcCAACGcTAAACGGcGATTTAAGCAATGTTT	5086
Db	4862	GTGGTATTAACAAGTGGGGcTGGATTAAGAcGGcCAACGcTAAACGGcGATTTAAGCAATGTTT	4921
Qy	5087	GGGTAAAAACCCCAAAAGATGGcAGCAAAAAAGCCcCTGTGCGCAcCTTATTAAGCCCGcAG	5146
Db	4922	GGGTAAAAACCCCAAAAGATGGcAGCAAAAAAGCCcCTGTGCGCAcCTTATTAAGCCCGcAG	4981
Qy	5147	GTCAAGcCAACTATTTTGAACCAACAACCCCGcAGAAAGcCATTTGACGATTAATGAACAAG	5206

Db	4982	GTGAGACCAACTATTTGGACCAACACCCCGAGAGGCAATTGACAGATTAATGAAACAG	5041
Qy	5207	GTATCCGCTTCTTCATATGCAACGATGGCAATCAAGAAGCTGTGTACAAAGGCGTAACG	5266
Db	5042	GTATCCGCTTCTTCATATGCAACGATGGCAATCAAGAAGCTGTGTACAAAGGCGTAACG	5101
Qy	5367	GCAATTGACTAAGTGCTTAGGCAAGCACTAGTGGGAGTAAGTTTCCAGGCGCAAGGAG	5326
Db	5102	GCAATTGACTAAGTGCTTAGGCAAGCACTAGTGGGAGTAAGTTTCCAGGCGCAAGGAG	5161
Qy	5327	ATGGTGAAAGCCGCGCTTGGCATATAGCAACAAACCCAAAGCAGGCAACCAATCATGCCA	5386
Db	5162	ATGGTGAAAGCCGCGCTTGGCATATAGGCAAGCAACCAAGCAGGCAACCAATCATGCCA	5221
Qy	5387	TGCGTGATTAACGACAAAGCCAGGCGCATCAATCATGCGCATTCGGTAACAGCAATGTGG	5446
Db	5222	TGCGTGATTAACGACAAAGCCAGGCGCATCAATCATGCGCATTCGGTAACAGCAATGTGG	5281
Qy	5447	TAGCAGTAAGCACTCTGGGCACTGCGGAGCCCAAGCAGCTGTTAAGGCTGATACAGTT	5506
Db	5282	TAGCAGTAAGCACTCTGTGTCATGCGGAGCCCAAGCAGCTGTTAAGGCTGATACAGTT	5341
Qy	5507	ACAGTGTGGGTAAATTAACAACCAAGTTTACCGATGCCACTCAACCGATGCTTTGGTGTGG	5566
Db	5342	ACAGTGTGGGTAAATTAACAACCAATTTACCGATGCCACTCAACCGATGCTTTGGTGTGG	5401
Qy	5567	GCAATTAACATACCGTGAACCGGAAGTAATCGTGTGCTTGAATGTTTCAACTGTCCATCA	5626
Db	5402	GCAATTAACATACCGTGAACCGGAAGTAATCGTGTGCTTGAATGTTTCAACTGTCCATCA	5461
Qy	5627	GTGCGAGCACACACGACGACGACCAACAAGCCAAAATCTGAGGGCAAGGATTAACAACCA	5686
Db	5462	GTGCGAGCACACACGACGACGACCAACAAGCCAAAATCTGAGGGCAAGGATTAACAACCA	5521
Qy	5687	CCACAGCAGGTGCAACCGGTAACGGTTTAAAGGCTTGTGAGCAAAACGCGGTTTGTCGG	5746
Db	5522	CCACAGCAGGTGCAACCGGTAACGGTTTAAAGGCTTGTGAGCAAAACGCGGTTTGTCGG	5581
Qy	5747	TCTCGTGGGTGCTCAGGTGCTGTAACGCCGCTATCCAAATGTGGCAGCAGTGAAGTCA	5806
Db	5582	TCTCGTGGGTGCTCAGGTGCTGTAACGCCGCTATCCAAATGTGGCAGCAGTGAAGTCA	5641
Qy	5807	GTGCGACCAAGCAGGATGCGGTCAATGTGTAGCAGTTGTACAAACCCCAACCAAGCATTG	5866
Db	5642	GTGCGACCAAGCAGGATGCGGTCAATGTGTAGCAGTTGTACAAACCCCAACCAAGCATTG	5701
Qy	5867	CCAAACGCAACCAATGAGCTTGACATCGTATCCACCAAAACGAAATTAAGGCAATGAG	5926
Db	5702	CCAAACGCAACCAATGAGCTTGACATCGTATCCACCAAAACGAAATTAAGGCAATGAG	5761
Qy	5927	GGATTTTCATACAGCATGAGCGATGACATGATTCACCAACCAAGCAATGAGTGA	5986
Db	5762	GGATTTTCATACAGCATGAGCGATGACATGATTCACCAACCAAGCAATGAGTGA	5821
Qy	5987	TGATTAACGCGGGGTATTGGCAACCAACCGGTCAAGTGCGGTGGGCACTGTGCA	6046
Db	5822	TGATTAACGCGGGGTATTGGCAACCAACCGGTCAAGTGCGGTGGGCACTGTGCA	5881
Qy	6047	AGCTGTGCGATATGTGTCAATGTGGATTTAAATCATATGTTTAGCGCGATACCAAGGCC	6106
Db	5882	AGCTGTGCGATATGTGTCAATGTGGATTTAAATCATATGTTTAGCGCGATACCAAGGCC	5941
Qy	6107	ATGTAGGAGCGGCGATGTGTGACAGGTTTCACTTT 6141	
Db	5942	ATGTAGGAGCGGCGATGTGTGACAGGTTTCACTTT 5976	
RESULT 7			
AAFS9104			
ID AAF59104 standard: DNA: 6159 BP.			
XX			
AC AAF59104			

RESULT	7
AAF59104	
ID	AAF5104 standard; DNA; 6159 BP
XX	
AC	AAF59104;

Db	1339	TTGACCTTTTACC-----CAATTAACAGGTACAAAACACAGATAAACCGCTCTACAGATT	1392
Qy	1408	AATGGGAGGATTACTAATAATGACAGAAAACAACACAGCAATCGGCACTACTGTAAT	1467
Db	1393	GATGATTGAAGTTTACTAATGATAGTAATAGTAATGATACCACTAAAGGTACTACTGTAAT	1452
Qy	1468	ACCAAGATTAATAATTTGGCTTTGCTTCGAGATGATATGTTGTAAGAAAACAAGCAACTAT	1527
Db	1453	ACCAAAAAAGAAATTTGGTTTGGCTGCTAATATAGATGAGAGTTGTAAGAACCAACTTAT	1512
Qy	1528	TTGGATTAATAAACCACTTAAGTGGGTAGTGTTCCAATTACCATAGACAATGCAATTGAT	1567
Db	1513	CTTGACAAACGAAAGCTAAAGTTGGCAACAGCAACCTTAACAGGTAGCTGACTGTT	1572
Qy	1588	GCAGGTAATTAATAAGATCATATCTTCGCCAAAGGTAGCACTGCTAACGATGGGTTACC	1647
Db	1573	AATTAACACCACCTGTAATAATAACAAATAATCCAAAGCGGTGCTAATTAATTTGGCCACA	1632
Qy	1648	ATCGAAACAGCTAAAGCCGCCCAAGCTCTTTAAACGACAGCGCTGGCATCGTCCACA	1707
Db	1633	GTCGCTAATAATATGTTGCAATAATCTCTCAGCAACAGTCGGCAGCTGCTATTAACGAAAG	1692
Qy	1708	CCCTACTGAATATATCAAGTTGATGCTTAAGATGGCAATGTTTACCGCCCACTTACAAACA--	1765
Db	1693	AAATATGTTTGGCTGCTACTAATATGATGAGATGTAATGAACAAAGCCATATTTGGATAAA	1752
Qy	1766	-----TTGGCGTGAAAACCAACCGGACTTAACAGATGAGCAGTATGATTAATTTAGT	1818
Db	1753	GAACGACTTAAGATGGGCTGCTGTTGAATTTACCACAGATAGTGTATTAATCTGCTGTAAT	1812
Qy	1819	GTTTAAGGTAAGTGTACGAACAATAGCTTAATTTAGTTTACCGCCCAACTTTGGCAAGCTATCTA	1878
Db	1813	CACAAGATTATCCGAGCTACTAATATGTAATAGCAAAATACCAGATGCCGTTTACCATCAACAG	1872
Qy	1879	AATGAAGTCAATGAAACGGGTGACACTGCTCTAACAAGCTTACCTTTAAAGAAAGAAAGAC	1938
Db	1873	CTCAAAAGACCCCAAGCCTTCTTAAACGACAGCGATGCGATCAGTATTATATGTAATAAC	1932
Qy	1939	GATGATGACG-----CCAAAGCCTATACCGTGGCT	1968
Db	1933	GGGGATCTACTTGAATAGTAGTGGCAATATTACCACCCCAACTTATTAACATTACCGTGAAA	1992
Qy	1969	AAAGATATCGACAAAATAATGCCGGCGCAGTACGATCTTAATAACTCAAGGTAAACACGGT	2028
Db	1993	ACCCTAAGCTTTAACAGTAATGGCACACAGTGTATATATTAATTTATGTATGTAATGCT	2052
Qy	2029	CTAAGGTTGTTACAAAANAAGATGTAACGGTTACCTTTGGCGTTTACCCAAGATACCGT	2088
Db	2053	CATGATTAACAATAGCTTAATGTTTACCGCCAAAGATTTGGCACACATATCTAATAATAAGTCAAT	2112
Qy	2089	CTGACCAATTTGGCAAAACACCCCTTAACACAGATGCTTACTGTTAAAGATACCACAGAA	2148
Db	2113	GAACCGGTGACAGTGTCTACCAAGCTTTAAAGTCCAAAACGGTGTATTAATAGCAACAC	2172
Qy	2149	CAAAATCCAAAGTCGGTGTAAATGGGATTAATTTCTATATGATGATGTTAGTAAATCCAGT	2208
Db	2173	GCCATCACCGGTGGGTAAAGATTAACAACGGCACACCTTCAACACCTTAAAACTCAAAAGT	2232
Qy	2209	ACTGCAATTTGCAAAATCCGCTCGCATTA--CCAGAGATAAAATTTGGCTTGTCTTCT	2265
Db	2233	CAAAACGGTGTTAATATTAGACCAATAGACCAACAGGTACAGTTACTTTTGGCATTTGAC	2292
Qy	2266	GATGGTGCAGTTGATAC-----AAACAAACCTTATCTTATATCAAGACAAAGCTA--CAA	2316
Db	2293	CAAAATATGCTGTACCAACAGCGCTAAGCTGACCGTGGGTACGATACAAATGTTAATTCGA	2332
Qy	2317	GTTGGCAATGTTAATAGATTACAACAACCTGCAATTAACAGAGTGTGAAGAACCATCACAGG	2376
Db	2353	TTGGTTATTAGACAAAGTCCCTTAGCCGTGACGTTAACACACCAAAACATCATTTAAAGCA	2412
Qy	2377	CTGTCCCAACACTGCTTAGCATTTGCCGATCAAAAGTACCCGCAACATAGAACTGGCGAAT	2436

[illegible]

QY	4594	AACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGATGGCTTCACTGTCAAACTTGTCCAAAGACTTAACC	4653
Db	4621	AACATTCGGTGTGTAGCAGGTACTGATGGCTTCACTGTCAAACTTGTCCAAAGACTTAACC	4680
QY	4654	AATTTAACGCGTTTAATGAGGTGGCACAAATTTGATGCAAAAGGCGTCTTTTGTAT	4713
Db	4661	AATTTAACGCGTTTAATGAGGTGGCACAAATTTGATGCAAAAGGCGATCTCTTTTGTAT	4740
QY	4714	GACTCAAGCGGTAGCAGCAAGCAAAACACCCCTGTGTCTAAGTGGCAATGGGCTGGACCTTG	4773
Db	4741	GAGCCAAAGGTTAGACCAAGCAAAAGCAACACCCCTGTGTCTAAGTGGCAATGGGCTGGACCTTG	4800
QY	4774	GGTGGCAGGTCACTACGTAAATGTGGCAAAAGCACAAAAGATACCGAGCGTCCCAATGTAT	4833
Db	4801	GGTGGCAGGTCACTACGTAAATGTGGCAAAAGCACAAAAGATACCGAGCGTCCCAATGTAT	4860
QY	4834	CACAGTTAAAGCAACTACGCAAACTTTGGGGTCTTGGTAAATGCTGGTAATGATAACCGCT	4893
Db	4861	CACAGTTAAAGCAAGTACGCAAACTTTGGGGTCTTGGTAAATGATAACCGCT	4911
QY	4894	GACGCAATCAGGTAAACATTTGGCGCATCAAAAAGACCCCAAAATTCAGTTCATCATCT	4953
Db	4912	GACGCAATCAGGTAAACATTTGGCGCATCAAAAAGACCCCAAAATTCAGTTCATCATCT	4971
QY	4954	AACGCACTGTCAATCAAGCAGGACAGCTACTTTGGCGGTAAAGGTAAATTAACGATACCGAA	5013
Db	4972	AACGCACTGTCAATCAAGCAGGACAGCTACTTTGGCGGTAAAGGTAAATTAACGATACCGAA	5031
QY	5014	AAACTTCCCACTGGTGGTATACAAAGTGGGCGTGTATAAAGCGGCATACCGGCGAT	5073
Db	5032	AAACTTCCCACTGGTGGTATACAAAGTGGGCGTGTATAAAGCGGCATACCGGCGGAT	5091
QY	5074	TTAAGCAATTTTGGGTCAAAAACCCCAAAAAGTGTGCACCAAAAAGCCCTGTGCGCACT	5133
Db	5092	TTAAGCAATTTTGGGTCAAAAACCCCAAAAAGTGTGCACCAAAAAGCCCTGTGCGCACT	5151
QY	5134	TATTAACGCGCAGGTAGACCACTATTTTGACCAACAAACCCCGAGAGAACCCATTGACAGA	5193
Db	5152	TATTAACGCGCAGGTAGACCACTATTTTGACCAACAAACCCCGAGAGAACCCATTGACAGA	5211
QY	5194	ATAAATTAACAAAGTATCCGCTTCTTCCATGTTCACAAAGTGGCATCAAGAGCCTGTGTGTA	5253
Db	5212	ATAAATTAACAAAGTATCCGCTTCTTCCATGTTCACAAAGTGGCATCAAGAGCCTGTGTGTA	5271
QY	5254	CAAGGCGTTAAGGCAATTGACTCAAGTGGCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATTAAGTTTC	5313
Db	5272	CAAGGCGTTAAGGCAATTGACTCAAGTGGCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATTAAGTTTC	5331
QY	5314	CAGGCGCAAGCAGATGGTGAAGCGCGCGCTTGGCATTAAGGCAACAAACCAAGCAGGCAAC	5373
Db	5332	CAGGCGCAAGCAGATGGTGAAGCGCGCGCTTGGCATTAAGGCAACAAACCAAGCAGGCAAC	5391
QY	5374	CAATTCATTCGCCATTCGGTGTAAACGCACAGCCACGGGCGATCAATCCATTCGCAATCGGT	5433
Db	5392	CAATTCATTCGCCATTCGGTGTAAACGCACAGCCACGGGCGATCAATCCATTCGCAATCGGT	5451
QY	5434	ACAGGCAATGTGTAGCAGGTTAAAGCACTGTGGTCATTCGGCGACGCCAACGACTGTTAAG	5493
Db	5452	ACAGGCAATGTGTAGCAGGTTAAAGCACTGTGGTCATTCGGCGACGCCAACGACTGTTAAG	5511
QY	5494	GCTTATTAACAGTTTACAGTGTGGGTAAATAACCAACAGTTTACCAGTGGCACTCAAAACCGAT	5553
Db	5512	GCTTATTAACAGTTTACAGTGTGGGTAAATAACCAACAGTTTACCAGTGGCACTCAAAACCGAT	5571
QY	5554	GTCCTTGTGTGGGCATAATAACATCACCGTGACCCGAAGTAACTCGGTTGCCTTAGGTTCA	5613
Db	5572	GTCCTTGTGTGGGCATAATAACATCACCGTGACCCGAAGTAACTCGGTTGCCTTAGGTTCA	5631
QY	5614	AACCTTCCCACTACGTGTAGGCAACACAGCGAGGCAACAAAGCCAAAATAATCTGACGGCGACA	5673
Db	5632	AACCTTCCCACTACGTGTAGGCAACACAGCGAGGCAACAAAGCCAAAATAATCTGACGGCGACA	5691
QY	5674	GCAGGTCAACCAACCAACAGAGGTGCACCGGTATAGGTTAAAGGCTTTGTGTGCAACAACG	5733

```

|||||
Db 5692 GCAGGTACAAACACACACAGCAGCTCCACAGGTACGGTTAAAGGCTTGTGGAACAAACG 5751
Oy 5734 GCGGTTGGTGGGTCCTCGTGGGTCCTCAGGTGCTGAACGCCGATTCACAAATGTGGCA 5793
Db 5752 GCGGTTGGTGGGTCCTCGTGGGTCCTCAGGTGCTGAACGCCGATTCACAAATGTGGCA 5811
Oy 5794 GCAGGTGAGGTAGTGGCAGCAGCAGCAGTGGGTCATGTGTAGCAGTTGTACAAAGCC 5853
Db 5812 GCAGGTGAGGTAGTGGCAGCAGCAGCAGTGGGTCATGTGTAGCAGTTGTACAAAGCC 5871
Oy 5854 ACCCAAGCATTTGCCAAGCAGCAACCAATGACTTGAACATCGTATCCACCAAAAGCAAAAT 5913
Db 5872 ACCCAAGCATTTGCCAAGCAGCAACCAATGACTTGAACATCGTATCCACCAAAAGCAAAAT 5931
Oy 5914 AAGGCCAATGCAAGGATTTTCATCAGGATGGGATGGGTCCTCATGCCAAGCCTACATT 5973
Db 5932 AAGGCCAATGCAAGGATTTTCATCAGGATGGGATGGGTCCTCATGCCAAGCCTACATT 5991
Oy 5974 CCGTGCAGATCCATGGTTACCGGGGATTTGGCACCCACACAGGTCAGAGTCCGGTGGCA 6033
Db 5992 CCGTGCAGATCCATGGTTACCGGGGATTTGGCACCCACACAGGTCAGAGTCCGGTGGCA 6051
Oy 6034 GTGGGACTGTGCAAGCTGTGCGATATGTCATATGGTCAATGGGTTTAAATCAATGTTACGCC 6093
Db 6052 GTGGGACTGTGCAAGCTGTGCGATATGTCATATGGTCAATGGGTTTAAATCAATGTTACGCC 6111
Oy 6094 GATACCAAGGCGCATGTAGGGGCGGAGTTGGTGTGAGGTTTTCACCTT 6141
Db 6112 GATACCAAGGCGCATGTAGGGGCGGAGTTGGTGTGAGGTTTTCACCTT 6159

```

RESULT 8
ID AAF28545 standard; DNA: 62909 BP.

XX AAF28545:

XX 04-APR-2001 (first entry)

XX Genomic fragment #32.

XX Genomic library: bacteria: human upper airway; otitis media; sinusitis;
KM bronchopulmonary; endocarditis; meningitis; ss.

XX Moraxella catarrhalis.

XX WO200078968-A2.

XX 28-DEC-2000.

XX 16-JUN-2000: 2000WO-US16649.

XX 18-JUN-1999: 99US-0140121.

XX (INCY-) INCYTE GENOMICS INC.

XX Lagace RE, Paterson C, Berg KL;

XX WPI: 2001-041427/05.

XX Genomic library for identifying diagnostic and therapeutic
XX compositions, and for identifying virulence factors, regulatory
XX elements and drug targets, comprises Moraxella catarrhalis nucleic
XX acids -

XX Claim 1: Page 293-308; 545pp; English.

XX The present invention relates to a Moraxella catarrhalis genomic library
XX comprising a combination of 41 nucleic acid molecules (see
XX CC AAF28544-AAF28554). The library has a number of uses described in the
XX specification e.g. is useful for identifying diagnostic and therapeutic
XX compositions. M. catarrhalis (Branhamella catarrhalis) is a large

CC aerobic, gram-negative diplococcus, normally found among the bacterial
CC flora of human upper airways. M. catarrhalis is known to cause acute,
CC localised infections such as otitis media, sinusitis and bronchopulmonary
CC infection and life-threatening, systemic diseases including endocarditis
CC and meningitis.

XX Sequence 62909 BP: 18449 A; 13798 C; 12744 G; 17918 T; 0 other;

Query Match 64.7%; Score 3973.4; DB 22; Length 62909;
Best Local Similarity 81.7%; Pred. No. 0; Mismatches 801; Indels 331; Gaps 27;
Matches 5055; Conservative 0;

```

Oy 1 ATGATACATCTATTAAGTATCTTTTAACAAAGCCACAGCAGCATTTATGCACTGGCA 60
Db 42630 ATGATACATCTATTAAGTATCTTTTAACAAAGCCACAGCAGCATTTATGCACTGGCG 42689
Oy 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCGGGGGGGG -TAGTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAG 119
Db 42690 GAATATGCCAATCCACAGCAGCGGGGGGGGATGCTGTGTACAGGCAAGTTGGCAG 42749
Oy 120 TGTATGCACTGTGAGCTTTGGCCGCTATTTGGCGGCTGCTGCTGTATCGTGCAC 179
Db 42750 TGTATGCACTGTGAGCTTTGGCCGCTATTTGGCGGCTGCTGCTGTATCGTGCAC 42809
Oy 180 GCTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATGCGCATTTGTAACA 239
Db 42810 GCTCAGTGGCAGTCTTATGCTC-----AAGATATGCCAATTTGGTACACA 42854
Oy 240 AACCAGCCAGAGGCTCAGCAGCTGCCAAGCGGAGGATGATGAGCATTGCTATTGG 299
Db 42855 AACAACA--CAACTCAAAAGGCGATGCCAGGCGCAGATATCAATCCGTGCTTTGG 42911
Oy 300 TGAATATGCTAACGACAGCGGGGGGTCAAGCCATGCGCATGCTGTATTAATACTGT 359
Db 42912 TGAATATGCTAACGAGTGCAGCAGCAGCCATGCGCATGCTGTATTAATACTGT 42965
Oy 360 CAATGAGGAGCATTTGGATTAAGATAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 419
Db 42966 CAATGAGGAGCATTTGGATTAAGATAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 43025
Oy 420 CGGTGTGATGTAAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTTGCCATGCGTATGATGATGATGAT 479
Db 43026 CGGTGTGATGTAAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTTGCCATGCGTATGATGATGATGAT 43085
Oy 480 TTTGCTTGATCAGCATTTGATTCCTTAACATCCGAAGATGCTGATTAACGATCTTAT 539
Db 43086 TTT-----GAGAGATTAAGGCTTGTATACCTCCACAGAGATTTAAATACTTAT 43136
Oy 540 TAAAGGCGATGAGTATTTAAAGAAATACGAAGCTCAAA--GATATGATGTAATAA 596
Db 43137 TGAATAACATTCAGATTTAAACAGAAATACGAAGCTCAAA--GATATGATGTAATAA 43196
Oy 597 TAGAGCAGACACCGCAGAGCGGACAGCGGCTACTGAGTGGGAGGATGATGATGATGAT 656
Db 43197 TTTACACAGCAAAAGCAGAGGACAGCGGATGATGAGTGGGAGGATGATGATGATGAT 43256
Oy 657 GGGTCAATTTTCCACAGCGCTTTGGTACAGGCAACAGCTAAAGTGGCTATTTCTTGGC 716
Db 43257 GGGTCAATTTTCCACAGCGCTTTGGTACAGGCAACAGCTAAAGTGGCTATTTCTTGGC 43316
Oy 717 AGTGGGCTTGGCGGACAGCGGAGGCGCAATCTACATTCGTTATTTGGTGTGATG 776
Db 43317 AGTGGGCTTGGCGGACAGCGGAGGCGCAATCTACATTCGTTATTTGGTGTGATG 43376
Oy 777 ATCTAGTCTGTTGGAGGCAATAGCCCTTGGTGGAGTATCTGTCGTCAGCTACAGGCGAG 836
Db 43377 AGCTAGCAATTTTGCAGCGCATAGCCATTGGTGAATACTAATATCGATTGGTGGAGG 43436
Oy 837 TATTGCCCTAGTCAAGGTTCTGTTGTACACTCAGATGATATATTTAGACCGGCTTA 896
Db 43437 TGTGGCCCTAGTGTATATTTCTCAGATCACTGCTATGATATATATTAATGAGACCTTA 43496
Oy 897 TACACCAATTAACCGAGCTAGACCCCAAGTTTCAAGCAGCA-----TAA 944

```

Db 43497 TAAACGAGAGCGTGAACAATTACACAAGATCATGAAGCCACCAAAAAACGGTCAGCGAA 43556
OY 945 TACGAAGGGGGGTCACCTTCCATTGGTAGTACTCTATCAACGTAATATCATATGT 1004
Db 43557 GATATACAGTGTATATTTTCCATTGGTAGTACTCTAGACATGAAGATCATCATGT 43616
OY 1005 CGGTGACAGGTATTAATAAACCGATCGGTCAATGTGGCAGCAGCTGGAACGGTGGTAA 1064
Db 43617 CGGTGACAGGTGTGATGCCACCGATCGGTCAATGTGGCAGCAGCTGGAACGGTGGTAA 43676
OY 1065 GTGGGCTAAGAGAGCGTAGAATTACTTTTCAGGGTGTATACAGTACGTACATAAAT 1124
Db 43677 CTGGGCTAAGAGAGCGTAATAATTACTTTTAAAGGTGATG---ACAGTACTGGCTACAAAA 43733
OY 1125 AGGTTTGGATTAATCTTTAACTTTAAAGTG---GTGACAGACCAACGCAATTAACCGA 1181
Db 43734 AGGTTTGGAGAGGTATTAATCTTTAAAGCGGGGAGCAAAATGCGGTGAATTAACCGA 43793
OY 1182 TAATATATGCGGTGTGTAAAGAGCGGTATATA---GTGGTGTGAAGTTTAACTTGC 1238
Db 43794 CAATTAATCGGTGTGTGTAAAGATATATATGTTGGTGTGTGTAAGTTTAACTTGC 43853
OY 1239 TAAACTTTAAACAATCTTACTAGGTGATATACACTACATTAATGCCACAACACAGT 1298
Db 43854 TAAATAATTAATGATCTTGAACAGTATTAACAGCAAAACCTTAACCGCCACAGTGCAAT 43913
OY 1299 TAAAGTAGTAGTAGTAGTAGTAC---TACAGTGAATTTATAGATAGTATAGTTAACCTT 1355
Db 43914 CACCGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 43973
OY 1356 TACCCAGCCCAATACAGCGAGTCAAAAGCACAAGCAAAACCGTATAGCGCTTATAGGGT 1415
Db 43974 TAAAGTATTTCAT---ACAAACAATCCAGTCAAGTCTG---ATGGCTTTAAATTTAC 44027
OY 1416 GAACTTACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1475
Db 44028 TGAATGATATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 44087
OY 1476 TAAATGGCTTGTGCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1535
Db 44088 TAAATGGCTTGTGCGAAGAGAGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 44147
OY 1536 AAAACAATTAAGTGGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1595
Db 44148 CGAAGAGTAAAGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 44207
OY 1596 TAAAGAGTCAATCTTGGCAAGAGTAGCAGTGTAAAGATGCGGTATCAATCGAACA 1655
Db 44208 TCAAAAGATTACCGGACTTACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 44267
OY 1656 GCTCAAGAGCGCAACCTTAAACGAGAGCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1715
Db 44268 GCTCAAGAGCGCAACCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 44327
OY 1716 AA---TATCAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1772
Db 44328 CATCTATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 44387
OY 1773 GAAACACACGAGCTTAAACAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1829
Db 44388 GAAACACACGAGCTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 44447
OY 1830 TGGTAG---AACAATAGCTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1886
Db 44448 TATATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 44507
OY 1887 CAATGCAAGCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1946
Db 44508 CAATGCAAGCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 44567
OY 1947 CGCAACGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2006

Db 44568 CAACAACAGCATCAGCTAGATTAATAAACAGCAACAGTCTAATCCGTAGCAGGC----- 44619
OY 2007 AAAACTCAAGATTAATAACGCTCAACGTTGCTACCAAAAAAGATGATAGCTTACCTT 2066
Db 44620 ---GATACGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 44669
OY 2067 TGGGCTTAGCAAGATAGCGTCTGACATTTGGCAAAAGCACCCTTAACAACGATGGCTT 2126
Db 44670 ----- 44669
OY 2127 GACTTTAAAGATTAACAAGCAACAAATCAAGTGTGATTAATGATTAATTAATTAATTA 2186
Db 44670 ----- 44669
OY 2187 TGTGATGATGATTAATCCAGTACTGCTATGCAATACCGCTGCTTACAGAGATTA 2246
Db 44670 -----TGGCAATGACCAAGCCAAATGGCTTAAACAGCGCTAA 44705
OY 2247 AATTGGCTTGTGCTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2306
Db 44706 GCTGACCGTGGTATG----- 44720
OY 2307 CAAGCTAACAAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAACACTGCGATTAACGAGGTGATAAGC 2366
Db 44721 CAATAGTAAACATCAATTTGTTATGAGCAAAATGTTATGATGATGATGATGATGATGAT 44780
OY 2367 CATCAGAGGCTGTCCCAACACTGCTAGCTATTTGCCG---TCAAGTAGCCGCAAT 2423
Db 44781 CATCAAGGCGCTGTCTCAACACTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 44840
OY 2424 AGAAGTGGCAATTAATCAACAGCAAGCAAAATCCAGCGTCCAGCTTAATGATAT 2483
Db 44841 AGAACAAGCAATGACGCCCAAGCAAG---AATCAAGCTGCGCATGATCAAAAGTGT 44897
OY 2484 ATTAATTAACAGCTTAACTTAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2543
Db 44898 GCTAAAGCAGGCTTAACTTGAAGCAATGAGCAACCCGTTGACTTGTCTTACTTA 44957
OY 2544 TGAATGTTGATGCTTGGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAAT 2597
Db 44958 TGAATGTTGATGCTTGGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAATGCAAT 45017
OY 2598 TACCGTAAACAAACAGTAAAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2657
Db 45018 TGAAGCAAAACCAAGCAGCAGTGTCTAATGTAATGATGATGATGATGATGATGATGAT 45077
OY 2658 TCTAACAGCAGTGTACATTAATAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2717
Db 45078 TCTGGCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 45137
OY 2718 AATGCTTAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2777
Db 45138 AATGCTTAATGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 45191
OY 2778 TGTTAACGCAAAAGATGCAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2837
Db 45192 TGTTAACGCAAAAGATGCAACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 45251
OY 2838 CAAGGCAACAGCAGCAGCGCTTACAACCTTTACGTTAAAGTATGATGATAAATAA 2897
Db 45252 CAAGGCAACAGCAGCAGCGCTTACAACCTTTAAAGTATGATGATAAATAAATAA 45311
OY 2898 TAAATGCTATGACCGCAACCGCTACACCGGTGGGCAAAAGCAACCAATTAATTAATTAAT 2957
Db 45312 TGAATGATG-----ACACCATCACCGTGGG-----AAAAATGCGCTGCA 45350
OY 2958 CACCTTAACACTCAAAAGGTGAAAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3017
Db 45351 CACCTTAACACTCAAAAGGTGAAAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 45410
OY 3018 TACCTTTGGCATTAACACCAACAGCGTCTTAAAGCCGG---CAAAAGCAACCTTAACGA 3074
Db 45411 TACCTTTGGCATTAACACCAACAGCGTCTTAAAGCCGGGACACCAACCACTTAACGA 45470

OY	3075	CGGTCGCTTGCTCTATTAAAAA	CCCCCACTGGTAGCAACAATCCAGTCGGTCTGATGG	3134
Db	4547.1	AGATGGCTTGCTCTATTAAAAA	CCCCCACTGGTAGCAACAATCCAGTCGGTCTGATGG	4553.0
OY	3135	CGTGAAGTTTGC	CAAGGTTTAATTAATGAGTGTTGAGTGCTGGCATTTGATGGCAAC	3194
Db	4553.1	CGTGAAGTTTGC	CAAGGTTTAATTAATGAGTGTTGAGTGCTGGCATTTGATGGCAAC	4559.0
OY	3195	TCGCTATTAC	CAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGACCTAATGGCTCACTTGATAAAAAGCA	3254
Db	4559.1	CGGTATCAC	CAAGATATAAATTTGGCTTTGCGGGGGCTAATGGCTCACTTGATTAACCAACAA	4565.0
OY	3255	ACCCCACTTAAGCA	AAAGCGGCAATTAAACGAGTGCGTAAAGATTTACCAACATTCATC	3314
Db	4565.1	ACCCCACTTAAGCA	AAAGCGGCAATTAAACGAGTGCGTAAAGATTTACCAACATTCATC	4571.0
OY	3315	AGGTAGATTTGCC	CAAAACAGCCATGATGCTGTACAGCGCGGCAAGTTTATGATTTAAA	3374
Db	4571.1	AGGTAGATTTGCC	CAAAACAGCCATGATGCTGTGTACAGCGCGGCTAGATTTATGATTTAGA	4577.0
OY	3375	AACCCAACTTGA	AAAAACAATTCAGAGATACGTCGCAAAACACACAAAACTCATTAACGA	3434
Db	4577.1	AACCCAACTTGA	AAAAACAATTCAGAGATACGTCGCAAAACACACAAAACTCATTAACGA	4583.0
OY	3435	ATTCTCAGTAGCAGATGA	AAACAGTAAATTAACCTTTACGGTTAGTAACCTTACTCCAGTTA	3494
Db	4583.1	ATTCTCAGTAGCAGATGA	AAACAGTAAATTAACCTTTACGGTTAGTAACCTTACTCCAGTTA	4589.0
OY	3495	TGCACACCTTA	AAAGACCTCTGATGTCATCACCTTTGCAGGTGAAAAAGCGCATTTACACCA	3554
Db	4589.1	TGCACACCTTA	AAAGACCTCTGATGTCATCACCTTTGCAGGTGAAAAAGCGCATTTACACCA	4595.0
OY	3555	GGTAATTA	AAAGGAGTGCTGGTCTGTGTGGGCAATTGACCAAAACAAAGGCTTTAACCAAGGCTTA	3614
Db	4595.1	GGTAATTA	AAAGGAGTGCTGGTCTGTGTGGGCAATTGACCAAAACAAAGGCTTTAACCAAGGCTTA	4601.0
OY	3615	GCTGACCGTGGGTA	TAATTAATTTGGCAAAAGGCAATTGCTCATTTGACAGCCAAAAATTTGGTCAAA	3674
Db	4601.1	GCTGACCGTGGGTA	TAATTAATTTGGCAAAAGGCAATTGCTCATTTGACAGGTAAAGATGGTCAAA	4607.0
OY	3675	TACATTCACAGGACT	TAAGCAACACTGTACTATATGTTTACCATGTATTAAGTAAGCGTACG	3734
Db	4607.1	TACATTCACAGGACT	TAAGCAACACTGTACTATATGTTTACCATGTATTAAGTAAGCGTACG	4612.4
OY	3735	CACCAACAGAA	CAGGGCAATTAATTAACAAGACAAACAAACCCGTGCCCGCAGCATTTGT	3794
Db	4612.5	ACACGCACT	AAAGCCAAAGGGGCTTCCCATTAACACCGCAAAACCCGTGGCTGCAGCATTTGG	4618.4
OY	3795	TGATGTCTTA	AGGCGAAGGCTTTAACTTGCAAGGCAATGTGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTC	3854
Db	4618.5	TGATGTCTTA	AGGCGAAGGCTTTAACTTGCAAGGCAATGTGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTC	4624.4
OY	3855	CACCTTATGAC	ACCGTCAACTTTGCCGATGGCAATGGCCACACCGCTAAAGGTGACTATGA	3914
Db	4624.5	CACCTTATGAC	ACCGTCAACTTTGCCGATGGCAATGGCCACACCGCTAAAGGTGACTATGA	4630.4
OY	3915	TGACACAA	AGCAACCGTAAAGTGCTTATGATGTTCATATGTTGATGATTAACAACCTTGA	3974
Db	4630.5	TGACACAA	AGCAACCGTAAAGTGCTTATGATGTTCATATGTTGATGATTAACAACCTTGA	4636.4
OY	3975	AGTTAAAGAT	AAAAAACTTGGCGTAAAAACACACACTTGTACCAAGTACTGGCACAGTGC	4034
Db	4636.5	AGTTAAAGAT	AAAAAACTTGGCGTAAAAACACACACTTGTACCAAGTACTGGCACAGTGC	4642.4
OY	4035	TAATTAAT	TTTTTGCCTTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGGCCTTGTCAAGGCCAGTGATAT	4094
Db	4642.5	TAATTAAT	TTTTTGCCTTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGGCCTTGTCAAGGCCAGTGATAT	4648.4
OY	4095	CGTTGCTCAT	TAACAAACCTTAATGTGGCGACATCCAACATGTGCCAAAGGGGCAAGCCAAAG	4154
Db	4648.5	CGTTGCTCAT	TAACAAACCTTATATCGCTTTATCTGGCGACATCCAACATGTGCCAAAGGGGCAAGCCAAAG	4654.4

QY	4155	GAACAAC	CTCAGCAG	CTATGTG	ACTGCTG	ATATGG	CTATATG	GAACGTAC	CGGA	4214
Db	46545	GAACAAC	CTCAGCAG	CTATGTG	ACTGCTG	ATATGG	CTATATG	GAACGTAC	CGGA	46604
QY	4215	TAACAAG	TACATTAAC	GCACAAAT	TGATGG	CACAGT	TGATTAAC	CAAGAAAG	AAATTGCCAA	4274
Db	46605	TAACAAG	TACATTAAC	GCACAAAT	TGATGG	CACAGT	TGATTAAC	CAAGAAAG	AAATTGCCAA	46664
QY	4275	AGACAAC	TGCTGCG	CCCAAG	CCCAAG	ATCCAG	ATGG	CGCATTTGG	CTCAATG	4334
Db	46665	AGACAAC	TGCTGCG	CCCAAG	CCCAAG	ATCCAG	ATGG	CGCATTTGG	CTCAATG	46724
QY	4335	ATCACTG	CTTTAA	CAAGAA	CAAGTAAAT	GATGG	CCATTA	AAAAAG	CAAGGCAT	4394
Db	46725	ATCACTG	CTTTAA	CAAGAA	CAAGTAAAT	GATGG	CCATTA	AAAAAG	CAAGGCAT	46784
QY	4395	CAAGCCT	TTTAAAG	ACCTTGA	AAAGCCG	CTTCTG	ATTA	CAAAA	CAAAAACG	4454
Db	46785	CAAGCCT	TTTAAAG	ACCTTGA	AAAGCCG	CTTCTG	ATTA	CAAAA	CAAAAACG	46844
QY	4455	AGTAACT	GCGGTATTA	AAATGCC	GTGGCC	CAACAC	CGCTG	ACCTTTC	CAGAGG	4514
Db	46845	AGTAACT	GCGGTATTA	AAATGCC	GTGGCC	CAACAC	CGCTG	ACCTTTC	CAGAGG	46904
QY	4515	AGGCAAC	ACGCGCTAA	AAAAA	CTGGG	GAGACTT	GGACAT	CAAGAG	TGGGCAAC	4574
Db	46905	AGGCAAC	ACGCGCTAA	AAAAA	CTGGG	GAGACTT	GGACAT	CAAGAG	TGGGCAAC	46964
QY	4575	CAATAGC	TAAACCG	TAATTAAT	ACATGG	GGGTAC	ACAGTCT	ATG	GGCTCACT	4634
Db	46965	CAATAGC	TAAACCG	TAATTAAT	ACATGG	GGGTAC	ACAGTCT	ATG	GGCTCACT	47024
QY	4635	ACTTGG	CCAAAG	ACCTTA	ACC	CAATCTTA	ACAGG	CTTAATG	CGAGTGG	4654
Db	47025	ACTTGG	CCAAAG	ACCTTA	ACC	CAATCTTA	ACAGG	CTTAATG	CGAGTGG	47084
QY	4695	CAAAAGC	CTGCTTT	TGTAG	ACTCA	AGGCG	TAAAC	CAAGCA	AAACAC	4754
Db	47085	CAAAAGC	CTGCTTT	TGTAG	ACTCA	AGGCG	TAAAC	CAAGCA	AAACAC	47144
QY	4755	TGCGCA	TGGGCTG	AGACTG	GGGTGG	CGACAG	GTCA	TGTA	TGTGG	4814
Db	47145	TGCGCA	TGGGCTG	AGACTG	GGGTGG	CGACAG	GTCA	TGTA	TGTGG	47204
QY	4815	TACCGAC	CTGCCA	ATGTCA	CAACAG	TAAAC	GAAG	CAAC	CACTT	4874
Db	47205	TACCGAC	CTGCCA	ATGTCA	CAACAG	TAAAC	GAAG	CAAC	CACTT	47264
QY	4875	TGCTG	TATAG	TAAAG	CTGAC	GGCAAT	CAG	TAAAC	ATTTG	4934
Db	47265	TGCTG	TATAG	TAAAG	CTGAC	GGCAAT	CAG	TAAAC	ATTTG	47324
QY	4935	AAATTC	AGGTTCA	TATCTTA	ACCG	CACTG	CA	CAAG	CAAG	4994
Db	47325	AAATTC	AGGTTCA	TATCTTA	ACCG	CACTG	CA	CAAG	CAAG	47384
QY	4995	AGGTA	TAAAG	ATAC	CCGAA	AAACCTT	GC	ACTG	TATACA	5054
Db	47385	AGGTA	TAAAG	ATAC	CCGAA	AAACCTT	GC	ACTG	TATACA	47444
QY	5055	CGGCA	ACGCTTA	ACGGG	ATTTAA	GCAATG	TTTGG	GTCA	AAACCC	5114
Db	47445	CGGCA	ACGCTTA	ACGGG	ATTTAA	GCAATG	TTTGG	GTCA	AAACCC	47504
QY	5115	AAAAG	CCCTG	TGCG	CACTTA	TAAACG	CGAG	GCAG	ACCA	5174
Db	47505	AAAAG	CCCTG	TGCG	CACTTA	TAAACG	CGAG	GCAG	ACCA	47564
QY	5175	CGCAG	AAAC	CCATTG	ACAG	AAATTA	TGA	CAAG	ATTC	5234
Db	47565	CGCAG	AAAC	CCATTG	ACAG	AAATTA	TGA	CAAG	ATTC	47624
QY	5235	CAATCA	AGAC	CTTG	TGTA	CAAG	GGCG	CTTA	AGG	5294

Db	47625	CAATCAAGAGCGCTGGGTGATACAGGGCGTAAACGGCATTTGATTAAGTGGCTGGTCAGAGA	47688
QY	5295	CTCAGTGGCGATAGGTTTTCCAGGCCAAGGCAGATGTTGAAGCGCGCGTTGCCATAGGCG	5354
Db	47685	TTCAGTGGCGATAGGTTTCCAGGCCAAGGAGATGGTGAAGCGCGCGTTGCCATAGGCG	47744
QY	5355	ACAAACCCAAACGAGCAGCAACCAATCCATGCGCATTCGGTGTATACGCACAAAGCCAGGGCGA	5414
Db	47745	ACAAACCCAAACGAGCAGCAGCAATCCATGCGCATTCGGTGTATAAAGCAACAAGCCAGGGCGA	47804
QY	5415	TCAATTCATCCGCATCGGTACAGGCAATGGGTACAGGTAAAGCACTCGTGGCCATCGG	5474
Db	47805	TCAATTCATCCGCATCGGTACAGGCAATGGGTACAGGTAAAGCACTCGTGGCCATCGG	47866
QY	5475	CGACCCAAAGCAGCTGTAAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGGTAAATAAACACAGTTTAC	5534
Db	47865	CGACCCAAAGCAGCTGTAAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGGTAAATAAACACAGTTTAC	47922
QY	5535	CGATGCGCACTCAACCCGATGCTTTGGTGGTGGGCAATAATCATCACCCTGATACCGAAAGTAA	5594
Db	47925	CGATGCGCACTCAACCCGATGCTTTGGTGGTGGGCAATAATCATCACCCTGATACCGAAAGTAA	47984
QY	5595	CTCGGTTGCTTAGGTTTCAAACTCTGCCATCGTGCAGGCACACACGCGACACCAAGC	5654
Db	47985	CTCGGTTGCTTAGGTTTCAAACTCTGCCATCGTGCAGGCACACACGCGACACCAAGC	48044
QY	5655	CAAAAATCTGACGCGACAGCAGGTACAACCAACACAGCAGGTGCACCGGTACGGTTTAA	5714
Db	48045	CAAAAATCTGACGCGACAGCAGGTACAACCAACACAGCAGGTGCACCGGTACGGTTTAA	48104
QY	5715	AGGCTTGGTGGACAAACGGCGGTTGGTGGTGGTCTCCGTTGGGTTGCTCAGGTGCTGACG	5774
Db	48105	AGGCTTGGTGGACAAACGGCGGTTGGTGGTGGTCTCCGTTGGGTTGCTCAGGTGCTGACG	48164
QY	5775	CGGTATCCAAATATGCGCAGCGATGAGGTGAGTGCACACACCGATCGATGGGTCAATGG	5834
Db	48165	CGGTATCCAAATATGCGCAGCGATGAGGTGAGTGCACACACCGATCGATGGGTCAATGG	48222
QY	5835	TAGCAGTGTGTACAAGCGACCCCAAGCATTTGCCAACGCCAATAGACTTGCACCATCG	5894
Db	48225	TAGCAGTGTGTACAAGCGACCCCAAGCATTTGCCAACGCCAATAGACTTGCACCATCG	48282
QY	5895	TATCCACCAAAACGAAAAATAGGCCAATGACAGGATTTTCATACGCAGTGGCGATGGCGTC	5954
Db	48285	TATCCACCAAAACGAAAAATAGGCCAATGACAGGATTTTCATACGCAGTGGCGATGGCGTC	48344
QY	5955	CATGCCACAAGCTTCATTTCTGGGAGATGCCATGGTTACCGGGGGTATTGCCAACCCACAA	6014
Db	48345	CATGCCACAAGCTTCATTTCTGGGAGATGCCATGGTTACCGGGGGTATTGCCAACCCACAA	48404
QY	6015	CGGTCAAGGTGGGCGGAGTGGAGCTGTCGAAGCGTGTGGATTAATGTCATAGGTTATT	6074
Db	48405	CGGTCAAGGTGGGCGGAGTGGAGCTGTCGAAGCGTGTGGATTAATGTCATAGGTTATT	48464
QY	6075	TAAATTCATAGTTCAGCGGATATACCAAGGCCATGAGGGGGCGCATGTTGGTGCAGGTTT	6134
Db	48465	TAAATTCATAGTTCAGCGGATATACCAAGGCCATGAGGGGGCGCATGTTGGTGCAGGTTT	48522
QY	6135	TCACCTTT 6141	48522
Db	48525	TCACCTTT 48531	48522
RESULT 9			
AAD04029			
ID AAD04029 standard; DNA: 9542 BP.			
XX AAD04029;			
XX			
XX 02-JUL-2001 (first entry)			
XX Moraxella catarrhalis outer membrane protein-106 (OMP106) DNA.			
DE			

XX		Outer membrane protein-106; OMP106; haemagglutinating vaccine:
KW	bacterial infection; immunogen; cytotoxic; antibiotic;	
KM	passive immunisation; ds.	
XX		
OS	Moraxella catarrhalis.	
XX		
FH	Key	Location/Qualifiers
FT	CDS	218..6589
FT	/tag= a	
FT	/product= "Outer membrane protein-106 (OMP106)"	
XX		
PN	US6214981-B1.	
XX		
PD	10-Apr-2001.	
XX		
PJ	12-Nov-1997; 97US-0968685.	
PR	03-MAY-1996; 96US-0642712.	
XX		
PA	(ANTE-) ANTEX BIOLOGICS INC.	
XX		
PI	Tucker K, Piosila L, Tillman UF;	
XX		
DR	WPI: 2001-281002/29.	
DR	P-PSDB; AAEE00701.	
XX		
PT	Novel nucleotide sequences encoding Moraxella catarrhalis outer	
PT	membrane protein-106 polypeptide, useful for diagnosis of bacterial	
PT	infections and as vaccine against Moraxella catarrhalis infection of	
PT	mammals -	
XX		
PS	Claim 6; Column 45-54; 49pp; English.	
XX		
CC	The present sequence is haemagglutinating Moraxella catarrhalis outer	
CC	membrane protein-106 (OMP106) DNA. The OMP106 is used as a therapeutic	
CC	and prophylactic vaccine against M. catarrhalis infections of mammals.	
CC	It is used for diagnosis of bacterial infections and as reagents for	
CC	clinical or medical diagnosis of M. catarrhalis infections and for	
CC	scientific research on the properties of pathogenicity, virulence and	
CC	infectivity of M. catarrhalis. It is also used as a probe to identify	
CC	the presence of M. catarrhalis in biological specimens and to identify	
CC	other bacteria that encode a polypeptide related to M. catarrhalis	
CC	OMP106. OMP106-derived polypeptides are used as ligands to detect	
CC	antibodies elicited in response to M. catarrhalis infections and also	
CC	as immunogens for inducing M. catarrhalis-specific antibodies which are	
CC	useful in immunoassays to detect M. catarrhalis in biological specimens.	
CC	Cytotoxic antibodies are useful in passive immunisations against	
CC	M. catarrhalis.	
XX		
SQ	Sequence 9542 BP; 2966 A; 2104 C; 2098 G; 2374 T; 0 other;	
	Query Match 63.9%; Score 3924.6; DB 22; Length 9542;	
	Best Local Similarity 79.5%; Pred. No. 0; Mismatches 979; Indels 336; Gaps	
	Matches 5108; Conservative 0;	
OY	1 ATGATTCACATTTATAAAGTCACTTTTAACAAGCACAGGCACATTATGGCAGTGGA 60	
Db	218 ATGATTCACATTTATAAAGTCACTTTTAACAAGCACAGGCACATTATGGCGCGCG 277	
OY	61 GAGTACGCCAAATVCCACAGACAGGGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCACT 120	
Db	278 GATATGGCCAATVCCACAGACAGGGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGGCAATVGGCACT 337	
OY	121 CATATCAGCTCTTAGCTTTGCCGCTATTGGCGGCGCTGCTGCTGATTCGGTGAACG 180	
Db	338 GTACGACACTCTGAGCTTTGCCGCTATTGGCGGCGCTGCTGCTGATTCGGTGAACG 397	
OY	181 CTCAGTGGCAGCTGTTATGCAAAAAAAGATACCAAACATATFGCAATTTGGTGAACAA 240	
Db	398 CTCATATGGCAGTCTTATGCT-----AGATATCGGAATTTAGTGAAGA 439	
OY	241 AACGAGCCAAAGAGCTCAGGACACTGCCAAGGCGAGGCTGATCGAACCATTCCTATTGGT 300	

```

Db 440 GACGGGGGAA-----AAGGGGAGCCAAATGCGCGGCGTGAATTAATCCATTGCTATTGGT 493
OY 301 GAAATGCTAACGCGACAGGCGGCTCAAGCCATCGCCATCGGTAGTAGTAATAAAGCTGC 360
Db 494 GATATTGCTCAGGCGCTTGCTCTCAATCTATTGCTATGCGACACAAATAGTTCAT 553
OY 361 AATGGAACAGTTTGGATAGATAGTAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGCTCCAGCCATC 420
Db 554 AATTCAATTAATATGCTAATATAGTGCAGAAAGCCGAGTAATGAGTCCATGCCATC 613
OY 421 GGTGATGATGAAGCTTATAGTGTATGCTGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 480
Db 614 GGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 673
OY 481 TTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 540
Db 674 TTGAAAAAGGAAACGCTACAGC-----AATCTCAGACCTTCTACCTATTAT 721
OY 541 AAGGCGCATGAGTATTAAAGAAATA---CGAAGCTCAAGGATTAATGATTAATAATAT 597
Db 722 CCGGAGCAAAAGCATTAACGATATATACCAACTAGCTGACACCTAACTTCAAAAATAT 781
OY 598 AACAGCACACCGCAAGGAGGACGCGCAGTACTGAGTGGAGCCATGTCATATGACAG 657
Db 782 AGACGACACAGCAGCAGGAGACACCGCACTACTGAGTGGAGCCATGTCATATGCAAA 841
OY 658 GGTGATTTTCCAAAGCCTTTGGTACAGCGGCAACAGCTAAAGTGCCTATTCTTTGGCA 717
Db 842 GGTGATTTTCCAAAGCCTTTGGTACAGCGGCAACAGCTAAAGTGCCTATTCTTTGGCA 901
OY 718 GTGGCTTTCCGCGCACAGCGGCGCAATGCTACAAATGCTATTGTTCTGATGCAACA 777
Db 902 GTGGCTTTCCGCGCACAGCGGCGCAATGCTACAAATGCTATTGTTCTGATGCAACA 961
OY 778 TCTAGCTGCTTGGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAGTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 837
Db 962 GCTATGCGGTTTGCAGCAGACGCGCTTGGTGGAGTACTCAATTAATGATCGAGGT 1021
OY 838 ATTGCGCTAGTCAAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 885
Db 1022 ATTGCGCTAGTCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1081
OY 886 AGACCGGCTTATACACA---AATACCGAGCAGTACAGCCCAAGTTTCAAGCCAC---C 939
Db 1082 GTACGGGCTTATGACAGATGATACCGCAATAGACCAACCGGATATAAAGCCACCTTC 1141
OY 940 AATATATCGAAGCGGCTCCACTTTCATGTTAGTA-----ACCTATACAA 987
Db 1142 AAGATGCTCTACGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1201
OY 988 CGTAAATTCATCATGTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1047
Db 1202 CGTAAATTCATCATGTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1261
OY 1048 CTAGACGCGTGTGAAGTGGGCTAAGGAGCGTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1107
Db 1262 CTTAAGAGGCGGTGAGGCTGGCTA---ATCGTCAAAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1318
OY 1108 AGTACTGACGTAAATAGTGGTATATCTTAACTTAAAGTGGTGGAGAGCC 1167
Db 1319 AATATAGAGTAGAAGAAAGGTTGGGCAAGACTTTAACTATCAGAGTGGTGGCAAGACC 1378
OY 1168 AACGATTTAACGATTAATATATGCTGTGTTAAAGAGCGTGATTAATAGTGTCTGAAA 1227
Db 1379 AGCGCATTTAACGATTAATATGCTGTGTTAAAGAGCGTGATTAATAGTGTCTGAAA 1432
OY 1228 GTTAAACTGCTTAAACTTTAAACAATCTTACTGAGGATTAACAATCAATCAATCAATCA 1287
Db 1433 GTTAAACTGCTTAAACTTTAAACAATCTTAAATGTTTACCTGTAACCTAAACCTAACGCC 1492
OY 1288 ACAACCAAGTTAAGTGTAGTGTAGTGTAGTGTAGTGTAGTGTAGTGTAGTGTAGTGTAG 1331

```

```

Db 1493 AACGAGAACTTACCGTAGCAAAACCCGCTTACACAGATAAATGTTTACCAAT 1552
OY 1332 -----ATTATGATGATAGTTTAACCTTTACCGACCCA-----ATACA 1371
Db 1553 GATATGAAATGCAATTTGATGAAGCAAAACCTTATCTGATTAAGACACTGGCATTCATGCA 1612
OY 1372 GCGAGTCAAAAGCAAGCAAAACCGTCTATAGGCTTAATGGGCTGAAGTTTACTAATAT 1431
Db 1613 GGTGCTCAAAAGATTTACCAACTTACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1672
OY 1432 GCAGAAACCAACAGCAGCAATGCGCTACTCTGATTAC-----AGAGTAAA 1479
Db 1673 GCAGAGCTTAAAAAGTTAAACCAACCGCTGAAGGCTCTTACAAACCTTTACGTTAAA 1732
OY 1480 ATTGCTTGTCTGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1539
Db 1733 AAGGTAGATAAAAATGTTAATGATGCTAATGACAGCAAAATCATACCGTGGGTAAAAAT 1792
OY 1540 CAATTTAAAGTGGTGTGTTGCAATTACATA-----GACAATGCAATTGAT 1587
Db 1793 AACAAACGAGCGGTACTCAAGTCAACCCCTAAACTCAAAAGGTGAAAAAGCGTGTGAT 1852
OY 1588 GCAGTATTAATAAGATCAGTAATCTTGGCCAAAGGTAGCAGTGTCTTAACGATGCGGTTACC 1647
Db 1853 GTTACAAACCGAAACAAATGTTACAGTACTTGGGCTTAAACCAAAATACGCTGTGACC 1912
OY 1648 ATCAACAGCTCAAAAGCGCGCAACCTACTTTAAACGACGCGGTGCTAGTGTACATA 1707
Db 1913 GTTGGCAACACACCGCTTAACCAACGATGCTTATCTTTAAAAACCAATATATACATA 1972
OY 1708 CCTACTGAATATAGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1767
Db 1973 CAATTCCAAGTGTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2032
OY 1768 G-----GCTGAAAAACCCGAGCTTAACAGTATGAGCAGTACTGATTAATTAATTAAT 1821
Db 2033 GCTGCTATTTGAATAATACACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2092
OY 1822 AAGGTAGTGTAGCAACATAGCTTGTAGTAC-----GCCGAA 1860
Db 2093 GGTTCATTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2152
OY 1861 CATTTGGCAAGCTATCTAATTAATGAAGTCAATGAACGCGTGAAGTGTCTTACAAAGCTTT 1920
Db 2153 GAGCTGACCAATGTCATATGCTGCTTAAACCTGCTACCAATGTTGGGACAGCTGAGCTTT 2212
OY 1921 -----ACCGTTAAAGAA 1932
Db 2213 ATGAACCGCTTAAGCACTGCTAATACGAAAAATACGAGCTGTGCCGCCACCTTAAGAAC 2272
OY 1933 GAAGAGATGATGAGCGCAACGCTATCACCGGTGCTAAGATAGCAGCAAAAAATGCCGCC 1992
Db 2273 TTATACACCTTATCAACAGTACCGCTGACCTTTGAGGATGATACAGGTCTTAATGTCCAC 2332
OY 1993 GCA-----GTCAGACTCTTAATAACTCAAAAGTAAAAACGGTCTTAACGTTGCTACCA 2046
Db 2333 AAAAAAAGTGGGAGATTTTAAAGTTAAAGTGTAAAGTGTAAACCAACGAGTGAATTTAAC 2392
OY 2047 AAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2097
Db 2393 AAAAAATACATGCTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTGT 2452
OY 2098 -----GCCAAAGC 2106
Db 2453 AAAACTTTAAGGATCTGATGCGGTTAATTAATAAACCTTAACGACGAGTAAAGCTT 2512
OY 2107 ACCCTTAACAGAGATGCTGTGATGCTTAAAGATTAACCA-----CGAA 2148
Db 2513 ACCGTAGACAGTGGGCAACACACCGCTAAGCTACAAATGTTGATTTAACCTTTAGCAAA 2572
OY 2149 CAATTCACAGTGTGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2195
Db 2573 CAATAATACAGTGTCTACCCCTGACCAACAGCAAAACCATCTATATGCGGTGATGGCTTG 2632

```

OY	3259	CACCTTAAGCAAAAGACGGCATTTAAGCGAGGTGGTAAAAAGATTACCAACATTCATACAGCT	3318
Db	3704	CACCTTAAGCAAAAGACGGCATTTAAGCGAGGTGGTAAAAAGATTACCAACATTCATACAGGT	3763
OY	3319	GAGATTGGCCAAACAGCAGCATGATGCTGTGACAGCGGCAAGATTATGATTATAAAACC	3378
Db	3764	GAGATTGGCCAAACAGCAGCATGATGCTGTGACAGCGGCAAGATTATGATTATAAAACC	3823
OY	3379	GAACCTTGAAGCAAAATAGACAGTACTCTGCCAAACAGCACAAAACCTCATTAACAGAAATTC	3438
Db	3824	GAACCTTGAAGCAAAATAGACAGTACTCTGCCAAACAGCACAAAACCTCATTAACAGAAATTC	3883
OY	3439	TCAGTAGCAGATGAACAAGTAATTAACCTTTACGGTTAGTAACCTTACTCCAGTTATGAC	3498
Db	3884	TCAGTAGCAGATGAACAAGTAATTAACCTTTAGCGTTAGTAACCTTACTCCAGTTATGAC	3943
OY	3499	ACCTTAAGACCTCTGATAGTCAATCACCCTTTGCAAGTGA AAAACGGCATTTACCAACAAGTA	3558
Db	3944	ACCTTAAGACCTCTGATAGTCAATCACCCTTTGCAAGTGA AAAACGGCATTTACCAACAAGTA	4003
OY	3559	AATAAAGGTGTGGTGCCTGTGGGGCTTACCAAAACCAAAAGCTTTACCAAGCCTTAAGCTG	3618
Db	4004	AATAAAGGTGTGGTGCCTGTGGGGCTTACCAAAACCAAAAGCTTTACCAAGCCTTAAGCTG	4063
OY	3619	ACCGTGGTAAATTAATTAATGGCAAAAGCATTGTCTATTGACAGCCAAAATGTCAAAATACC	3678
Db	4064	ACCGTGGTAAATTAATTAATGGCAAAAGCATTGTCTATTGACAGCCAAAATGTCAAAATACC	4123
OY	3679	ATCACAGACGCTAAGCAACACTCTAGCTAATGTATTAAGTAATGATTAAGGTAGCGTACACC	3738
Db	4124	ATCACAGACGCTAAGCAACACTCTAGCTAATGTATTAAGTAATGATTAAGGTAGCGTACACC	4183
OY	3739	ACAGAAACAGGGCAATATATATCAAAAGAAGCAAAACCCGCGCGCCAGCATTTGTTAT	3798
Db	4184	ACAGAAACAGGGCAATATATATCAAAAGAAGCAAAACCCGCGCGCCAGCATTTGTTAT	4243
OY	3799	GTGCTAAGCGCAGGCTTTAAGCTTGGCAAGCAATGGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCACT	3858
Db	4244	GTGCTAAGCGCAGGCTTTAAGCTTGGCAAGCAATGGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCACT	4303
OY	3859	TATGACACCGCTACACTTTGCCGATGTGCAATGCGCACACCAGCGTAAGGTACCTATGATGAC	3918
Db	4304	TATGACACCGCTACACTTTGCCGATGTGCAATGCGCACACCAGCGTAAGGTACCTATGATGAC	4363
OY	3919	ACAACCAAAACCAAGTAAAGTGGTCTATGATGCAATGTGATGATGATGATGATGATGATGATG	3978
Db	4364	ACAACCAAAACCAAGTAAAGTGGTCTATGATGCAATGTGATGATGATGATGATGATGATGATG	4423
OY	3979	AAAGATAAAAACTTGGGCTAAAAAACAACCATTTGACAGTACTGTGGCAGAGTGCTAAT	4038
Db	4424	AAAGATAAAAACTTGGGCTAAAAAACAACCATTTGACAGTACTGTGGCAGAGTGCTAAT	4483
OY	4039	AAATTTGCCCTTACGCAATCAAGCTACTGTGGCGATGCGCTTGTCAAGGCCAGTATGCTT	4098
Db	4484	AAATTTGCCCTTACGCAATCAAGCTACTGTGGCGATGCGCTTGTCTCAAGGCCAGTATGCTT	4543
OY	4099	GCTCATTTAAACACCTTATCTGGGCAACATTCACAAATGGCCAAAAGGGGCAAGCAGCGAAC	4158
Db	4544	GCTCATTTAAACACCTTATCTGGGCAACATTCACAAATGGCCAAAAGGGGCAAGCAGCGAAC	4603
OY	4159	AACCTAGCAGGCTATGTAGATGCTGATGAGCAATAAGTATCATCTATGACAGTACGGTAAAC	4218
Db	4604	AACCTAGCAGGCTATGTAGATGCTGATGAGCAATAAGTATCATCTATGACAGTACGGTAAAC	4663
OY	4219	AAAGTACTATCAAGCCAAAATATGATGGCACAGTTGATTA AAACCCAAAAGTTGCCAAAGAC	4278
Db	4664	AAAGTACTATCAAGCCAAAATATGATGGCACAGTTGATTA AAACCCAAAAGTTGCCAAAGAC	4733
OY	4279	AAACGTGTGCGCCAAAGCCCAAAACCCCAAGATGGACATTTGGCTCAAAATGAATGTCAATACA	4338
Db	4734	AAACGTGTGCGCCAAAGCCCAAAACCCCAAGATGGACATTTGGCTCAAAATGAATGTCAATACA	4783
OY	4339	GTCATTAAACAAAGAACAGTAAATATGATGCCAATATAAAAGCAAGGCATCAATGAAGACATAC	4388

Db 1521 --CAACAGCACCCCTAAACAAGCGTGGCTTGACTGTTAATAACACCATTTGGTGAAGCAAT 1578
Qy 1675 ACCTTAAMCGAGCGCGTGGCATGCTCAGTCTCAGCTACTGAATAATTCAGTTGATGCTAAG 1734
Db 1579 AAACAATTCAGAGTCGGTGTGATGAGCATTTAAATTTGCCGATGTGAATGTAATGATATCA 1638
Qy 1735 AGTGGCAATGTTACCGCCCCCACTTACAACTTGGCGTGAAGACCGGACCTTAAAGT 1794
Db 1639 AATGCCGCAAAATTCGGGCACTACGCTATTTACCGAAGAGAAATGGCTTTGGTCGATGCT 1698
Qy 1795 GATGGCACTAGTAAATTTAGTGTTAAGGAGTGGTACGAACATAGCTTAACTTACC 1854
Db 1699 GATGGTAAAGTTGATAA----- 1715
Qy 1855 GCCGAACCTTGGGAGAGCTATCTAATAGTCATGCAATGCAAGCGGTGACAGTGGCTACAA 1914
Db 1716 -----AAATCACCATATTGGATTAATAAACAACCTTCAAGTGGGCTGTT 1761
Qy 1915 AGCTTTACCTTTAAAGAAGAGAGATGATGACGCCAAGCTATCAGCGGTAAAGAT 1974
Db 1762 AAATTTACCAAGACAGTGGCATTTATGCAAGTGAATCAAAAGATCAGTAATGTTAAAGAT 1821
Qy 1975 ACGCAAAAATGCGCGCGCAGTCAAGCTTTAAACTCAAGGTAAAGCGTCTAAG 2034
Db 1822 GCAACGGAGATACCGGATGAGTCACTTATTAACAGCTTAAACAAGTCCAACAGACGCC 1881
Qy 2035 GTTGCTACCAAAAAAGATGATGAGGTTACCTTTGGGCTTACGCAAGATAGGCGTGAAC 2094
Db 1882 GAGCGTGGCTTACAA-----AGCTTCTCTATTGCGATGAATAAAGGTAGAA 1929
Qy 2095 ATTGGCAAAAGCACCCCTTAACAGAGATGCTGACTGTTAAAGATACCAAGCAACAAATC 2154
Db 1930 TTTACGATTAAGTAACTGTTATTTCTAATGTTAATACCCAAATACCTTTGAGACCATCAC 1989
Qy 2155 CAATGGTGTCTAATGCGATTAAATTTACTAATGTAATGTAATCCAGATCTGGC 2214
Db 1990 TTTTCAGGTGAAGACGGGATGATGATGAGTCAAGTACATAGCCAAAGGTAAAGTCAAG-- 2047
Qy 2215 ATTGCAATTAACCGTGGCATTAACGAGATTAATAATTTGGCTTGGTGTGATGATGGTCA 2274
Db 2048 -TTGGTATTGACCCCAATCATGTCTCAGCACGCTTAAGCTGACCGTGGGTAGCATTA 2106
Qy 2275 GTTGTATCAAAACAAACCTTATCTTGATCAAGACAAAGCTAAGTTGGCAATGTTAAGATT 2334
Db 2107 GATGGTAAACTCAATTGTTATTGAGCAAG----- 2137
Qy 2335 ACCAAGCTGGCATTAACGCGAGTGTGAAGCCATCAGAGGCTGCCCAACACTGGCT 2394
Db 2138 ---TGCTAGCGGTAAAGACACCAAAAACATCAATTAGAGATTGTCCTCAACACTGGCT 2193
Qy 2395 AGCATTTGGCGATTCAAAGTAGC---CGCAACATAGAACTGGGCAATACATCCAA---GAC 2448
Db 2194 AGCATTTACCATGCAAGTGGCGGTAGCGACACAGAACAGGGAATTCATCCAGCGAC 2253
Qy 2449 AAGAGCAAAATCCAAAGCTGCCAGCATTAATGATATTTAAATACAGGCTTTAACTAAAA 2508
Db 2254 GAAGCAAAATCCAAAGCGCGAGTATCGGTATATTAATTAATACAGGCTTTAACTAAAA 2313
Qy 2509 AATATATCAACCCCATTTGACTTTGCTCCACTTATGACATTTGACTTTGCCAATGGC 2568
Db 2314 AATATATCAACCTCGTTGGCTTGTCTCCACTTATTAACACTGTACTTTATTCATGGC 2373
Qy 2569 AATGCGACACCGCACAGTAAACCATGATACCGCTAACAAACAGTAAGTGTATAT 2628
Db 2374 AATGCGACACCGCTAAGTAACTTACGATGAACCAATCAACAGCATTAAGTAACTTAT 2433
Qy 2629 GATGTAATGTGATGATACAACTTATCATCTTAACAGGCACTGATGACAA---TAAAAA 2685
Db 2434 GATGTAATGTGATGATGAAGAAACATGACATCACAGCGATTAATGGCAAGCAACAA 2493
Qy 2686 CTTGGCGTCAAAACCAAACTGAACAAAGAGTCTAATGTAATATACAGCAACTAAC 2745
Db 2494 ATTGGCGTCAAAACCAACACTGACCAACAAATATGCTAATGTTAAGCAAC----- 2546

Qy 2746 TTTAATGTTAACTGATGATGAAGATGCCCTTGTGTTAAGCCAAAGACATGCCCAAAAT 2805
Db 2547 --CAACTTTAGTACCAACCGATTAACGATATCCCTTGTAAACGCCAAAGACATGCCCAAAAT 2604
Qy 2806 CTAACACCCCTAAGCCAGAAATTCACACCAACAAAGGACAGACAGACCGCCCTACAA 2865
Db 2605 CTAACACCCCTAAGCCAGAAATTCACACCAACAAAGGACAGACAGACCGCCCTACAA 2664
Qy 2866 ACCTTTACCCTTAAAGAGTGAATTAATATGCTGATGACGCCAACGCCATCAC 2925
Db 2665 ACCTTTAAAGTCAAAAAAGAGCGTGA-----ACTGATGACGAACCAATCAGCGTGGT 2718
Qy 2926 GTGGTCAAAAGACGCAAAATATCAAGTCAACACCTTAACACTCAAGAGTGAAGAAAGCT 2985
Db 2719 AAGATGATGATACCAAAAGCGCAAGACGCTCAACACTCTAAACCTCAAGGTGAAGAGCT 2778
Qy 2986 CTTAATATTAACCCGCAAAATGATGAGGTTACCTTTGGCATTTACGCAACAGCGGT 3045
Db 2779 CTAACGGTTGCTAACCAATTAAGATGTACGGTTACCTTTGGCATTTACCCCAAGCGGT 2838
Qy 3046 CTTAAGCGCGCAAAAGCAC---CTAAGCAGGCTGGCTGTCTATTAAAAACCCGCT 3102
Db 2839 CTTAAGCGCGGACAGACCACTTAACAAAGATGGCTTGTATTAAAAACCCGCT 2898
Qy 3103 GTAGCGCAAAATCCAAAGTGGCTGATGAGCGGTGAAGTTGGCAAGTTAATTAAT 3162
Db 2899 ACTAAGCAAAATCCAAAGTGGCTGTGATGACCAAAACCCGCTTAACCAAGAGTGAAGAGCTTAA 2955
Qy 3163 GGTGTTGATGCTGCTGATGATGAGCACAACTGCAATTTACCAGATGAATTTGGCTTT 3222
Db 2956 GGTAAATTCACCACTGCTGATGATGAGCACAAAGCCGCTATACCAAAAGATCAATTTGGCTTT 3015
Qy 3223 ACTGGACTAATGGCTGCTGATGATGAAGCAAAACCCGCTTAAGCAAGAC----- 3273
Db 3016 ACTGGGCTAATGGCTGCTGATGATGACCAAAACCCGCTTAACCAAGAGTGAAGAGCTTAA 3075
Qy 3274 -----GGCATTTAAGCAGGCTGTTAAAGATTACCAAC 3306
Db 3076 GTGGGTGAAGTTGAATTAACCAACACTGGCATTTAAGCAGGTTGAATAAGATTACCAAC 3135
Qy 3307 ATTCAATCAGTGAATTTGCCCAAAACAGCCATGATGCTGACAGCGCGCAAGATTAT 3366
Db 3136 ATTCAATCAGTGAATTTGCCCAAAACAGCAATGATGCTGACAGCGCGCTGATTTAT 3195
Qy 3367 GATTTAAACCGAATGAAACCAAAATCAGCACTTACTGCGCAAAACAGCAACAACTCA 3426
Db 3196 GATTTAAACCGAATGAAAGCAAAATCAGCACTTACTGCGCAAAACAGCAACAACTCA 3255
Qy 3427 TTACAGCAATTTCTAGTAGCAGATGAACAGGTAATACTTTACGTTAAGTAAACCTTAC 3486
Db 3256 TTACAGCAATTTCTAGTAGCAGATGAACAGGTAATACTTTACGTTAAGTAAACCTTAC 3315
Qy 3487 TTCAGTTATGACACTCAAAAGCTGTGATGATGATCACCCTTTGACAGGTGAAGGCGATT 3546
Db 3316 TCCAGTTATGACACTCAAAAGCTGTGATGATGATCACCCTTTGACAGGTGAAGGCGATT 3375
Qy 3547 ACCACCAAGGTAATAAGGTGTGCTGGCTGTGGGCTTTGACCAAAACCAAGGCTTAAAC 3606
Db 3376 ACCACCAAGGTAATAAGGTGTGCTGGCTGTGGGCTTTGACCAAAACCAAGGCTTAAAC 3435
Qy 3607 ACGCTTAAGCTGACCGTGGGTAATTAATATGCAAAAGGCAATTTGATGACAGCCAAAT 3666
Db 3436 ACGCTTAAGCTGACCGTGGGTAATTAATGCAAAAGGCAATTTGATGACAGCTTAAGAT 3495
Qy 3667 GGTCAAAATTACCATCAGGACTAAGCAACACTGATGATGATTTACCAATGATTAAGT 3726
Db 3496 GGTCAAAATTACCATCAGGACTAAGCAACACTGATGATGATTTACCAATGATTAAGT 3549
Qy 3727 AGCGTACGACACAGCAAGAGGCAATTAATCAAAAGCAGAAACCAAAACCGGTCGCGC 3786
Db 3550 GGTGAGGACACGCACTAAGCCAGGCTTGGCATGACACCGCAAAACCGTGGCGCC 3609

D	b	4687	AACAACCTAAACAACCAAGTA	CTA	CTCAGT	GTGCTATTA	CTTGTGTAA	CCGATGCC	4748
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	4747	AATGCAAGCCCTATCAATGG	CACCGATGG	CAGAGCCCA	AAAAACCATCA	AGGGGCGCGAT	4808	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	4807	GSTAAATACTATCACGCCA	ACGCCAACGGCGTAC	TGTGGACA	AAAGATGGCA	AGCCATC	4866	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	4867	ACCGATGGGACAACCTTG	CCATCTGG	CAGCTCAT	ATGCAACCCCTT	GATCAGTCA	4922	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	4987	ACTTGGCCACAATTGACAC	ACCACAGTAATGCA	ATGCAGGCA	AGCCCAAGT	5046		
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	5047	CTGCCACCTATACGACG	CACAGCAAGTAATG	CTCCAGTGTCA	AAAGATGCTCA	AT	5106	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	5107	GTAGCCTTAACTTGA	CGACCAATCACA	TCAAGTGGACTTGT	CAAAAGCTATG	ATACC	5166	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	5167	GTCAACTTTGTCAATG	GTACAGTGGC	GCACATCA	AAAGCGTGTAG	TCTGATGGCAG	5226	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	5227	ATGATTAATCATTACCG	CTCAACACCGCCTT	AGCAGCGACG	ATGATGGA	ATGTCAT	5286	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	5287	ATCAAAAGCCAAAGATG	TAACTTCTACA	AAAGCAGACGAC	CTCATGGCCAA	ACGGCTCACTA	5346	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	5347	AAAGCAGGCAAAATAC	GCAGTGA	TGCCAAA	CTCACA	TGTAAAGCCTTGTAA	5406	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	5407	AATGCTGTTAAAGCA	GTACAGGGGATG	CAGTGGCTTAA	TAACTTATCA	AAAGAGGA	5466	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4779
D	b	5467	TTTAAATCCAAAGATG	TACAACTAC	CACAGTAAGCT	GATGGCAT	AGTAATCA	5526	
Q	y	4780	-----	-----	-----	-----	-----	-----	4789
D	b	5527	GGCAAGATTAACAG	CAGCATCACCTT	AGCAAAAGATGG	CTGAATGTAG	CGGTAAAGTC	5586	
Q	y	4786	ATCAGTAAATGTGGC	CAAAAGCAGCA	AAAAGATACG	AGCTGCCAATGT	ATACAGATTTAAAC	4845	
D	b	5587	ATCAGCATGTGGGT	AAAGGACACAA	AGACACCGAG	CTGCCATGTACA	ACAGATTTAAAC	5644	
Q	y	4846	CAGTAGCCAACTTGT	GGGCTTGTGTA	ATGCTGTAA	TATGATTAACG	CTGACGGCAATCAG	4905	
D	b	5647	GAAATGACCAACTTGT	GGGCTTGTGTA	ATGCTGTAA	TATGATTAACG	CTGACGGCAATCAG	5706	
Q	y	4906	GTAACATTTGGCGA	TCATCAAAAAAG	CAACCAATTCAG	TTCAATCATCTA	ACGCACTGTC	4965	
D	b	5707	GTAACATTTGGCGA	TCATCAAAAAAG	CAACCAATTCAG	TTCAATCATCTA	ACGCACTGTC	5766	
Q	y	4966	ATCAAAAGCAGCAG	GTACTTGGCGTAA	AGATTAACGAT	ACGCAAAACCTTGC	CACT	5026	

```

Db 5767 ATCAAGCAGCAGCGTACTTGCGGTAAAGTAATACGATACGCAAAAACCTGGCAGT 5826
Oy 5026 GGTGGTATCAAGTGGGGCTGGATAAGACGGCAACGCTAAAGGGGATTTAAGCAATGTT 5085
Db 5827 GGTGGTATCAAGTGGGGCTGGATAAGACGGCAACGCTAAAGGGGATTTAAGCAATGTT 5886
Oy 5086 TGGGTCAAAACCCAAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTGCCACTTATTAAGCGCCGA 5145
Db 5887 TGGGTCAAAACCCAAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTGCCACTTATTAAGCGCCGA 5946
Oy 5146 GGTCAAGACCACTATTTTGACCAACAACCCCGAGAAAGCCATTGACAGAAATTAATGAACA 5205
Db 5947 GGTCAAGACCACTATTTTGACCAACAACCCCGAGAAAGCCATTGACAGAAATTAATGAACA 6006
Oy 5206 GGTATCCGCTTCTTCATCTCAACGATGGCAATCAAGAGCCCTGGGTCAAGGGGGTAC 5265
Db 6007 GGTATCCGCTTCTTCATCTCAACGATGGCAATCAAGAGCCCTGGGTCAAGGGGGTAC 6066
Oy 5266 GGCATTGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGTTCAGGCGCAAGGCA 5325
Db 6067 GGCATTGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGTTCAGGCGCAAGGCA 6126
Oy 5326 GATGGTGAAGCGCGGCTGGCCATAGGCAAGCAACCCAAAGCAGGCAACCAATCCATCCG 5385
Db 6127 GATGGTGAAGCGCGGCTGGCCATAGGCAAGCAACCCAAAGCAGGCAACCAATCCATCCG 6186
Oy 5386 ATCGGTGATTAACGCAAGCCAGCGCGATCAATCCATCGCCATGCTGATACAGCAATGTG 5445
Db 6187 ATCGGTGATTAACGCAAGCCAGCGCGATCAATCCATCGCCATGCTGATACAGCAATGTG 6246
Oy 5446 GTAGAGGTAAAGCACTCTGGTGGCCATCGGCGCAACCAACACTGTTAAGGCTGATTAACGT 5505
Db 6247 GTAGAGGTAAAGCACTCTGGTGGCCATCGGCGCAACCAACACTGTTAAGGCTGATTAACGT 6306
Oy 5506 TACAGTGTGGTAAATTAACCAACAGTTTACGATGCCACTCAACCGAGTCTTTGGGTG 5565
Db 6307 TACAGTGTGGTAAATTAACCAACAGTTTACGATGCCACTCAACCGAGTCTTTGGGTG 6366
Oy 5566 GGCATTAATCAATCACCCTGACCGAAAGTAACTGCTTGGCTTCAAACTCTGCCATC 5625
Db 6367 GGCATTAATCAATCACCCTGACCGAAAGTAACTGCTTGGCTTCAAACTCTGCCATC 6426
Oy 5626 AGTCAGGCAACAGCGGAGCAACCAACCAAAATTTGACGGCAGCAGGTACCAACC 5685
Db 6427 AGTCAGGCAACAGCGGAGCAACCAACCAAAATTTGACGGCAGCAGGTACCAACC 6486
Oy 5686 ACCAAGAGGTGCAACCGGTACGGTTAAAGCTTTGCTGACAAAGCGCGGTTGGTGG 5745
Db 6487 ACCAAGAGGTGCAACCGGTACGGTTAAAGCTTTGCTGACAAAGCGCGGTTGGTGG 6546
Oy 5746 GTCTCCGCTGGTGCCTCAGGTGCTGAACCGCGTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGTGC 5805
Db 6547 GTCTCCGCTGGTGCCTCAGGTGCTGAACCGCGTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGTGC 6606
Oy 5806 AGTCGACACAGCAGCAGTGGGTCAATGGTATGCAAGTTGTCAAAAGCCACCAAGCATT 5865
Db 6607 AGTCGACACAGCAGCAGTGGGTCAATGGTATGCAAGTTGTCAAAAGCCACCAAGCATT 6666
Oy 5866 GCCAAGCAGCAATGAGCTTGAACCATGATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCGATGCA 5925
Db 6667 GCCAAGCAGCAATGAGCTTGAACCATGATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCGATGCA 6726
Oy 5926 GGGATTTTCATCAGGATGGGATGGGCTCCATGGCAGCAAGCTTATTCCTGGCAGATTC 5985
Db 6727 GGGATTTTCATCAGGATGGGATGGGCTCCATGGCAGCAAGCTTATTCCTGGCAGATTC 6045
Oy 5986 ATGGTTACCGGGGGTATTTGGCAGCAGCAAGGTCAGGTGGGGAGGAGGGAGCTGCG 6045
Db 6787 ATGGTTACCGGGGGTATTTGGCAGCAGCAAGGTCAGGTGGGGAGGAGGGAGCTGCG 6846
Oy 6046 AAGCTGTGAGTAATGTGTCATAGGGTATTTAAATCAATGATGTCAGCCGATACCAAGGC 6105
Db 6847 AAGCTGTGAGTAATGTGTCATAGGGTATTTAAATCAATGATGTCAGCCGATACCAAGGC 6906

```

```

Oy 6106 CATGTAGGGCGCGCAGTTGCTCAGCTTTTCACTTT 6141
Db 6907 CATGTAGGGCGCGCAGTTGCTCAGCTTTTCACTTT 6942

RESULT 11
AAE59129
ID AAE59129 standard; DNA: 720 BP.
XX
AC AAE59129;
XX
DT 24-APR-2001 (first entry)
XX
DE M. catarrhalis strain 4223 200kda partial nucleotide sequence.
XX
KW Moraxella catarrhalis strain 4223; major outer membrane protein;
KW 200kda outer membrane protein; antibacterial; immunogenic; infection;
KW otitis media; detection; ds.
XX
OS Moraxella catarrhalis.
XX
PN WO200107619-A1.
XX
PD 01-FEB-2001.
XX
PF 26-JUL-2000; 2000WO-CA00870.
XX
PR 27-JUL-1999; 99US-0361619.
XX
PA (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.
XX
PI Loosmore SM, Sasaki K, Yang Y, Klein MH;
XX
DR WPI: 2001-159722/16.
DR P-PSDB: AAB69147.
XX
PT New nucleic acid encoding Moraxella catarrhalis outer membrane protein,
XX useful in protective vaccines and for diagnosis
XX
PS Example 14; Fig 17; 247pp; English.
XX
CC The present invention describes an isolated and purified nucleic acid (I)
CC that encodes a 200 kda outer membrane protein of Moraxella catarrhalis.
CC The 200 kda outer membrane protein (II) has antibacterial activity and
CC can be used in vaccines. (II), and its truncated versions, are used as
CC immunogenic compositions and vaccines to protect against M. catarrhalis
CC infections, particularly otitis media in humans. (II) is also used as
CC antigen in immunoassays for detecting specific antibodies (Ab), and to
CC generate Ab. (I) are used for recombinant production of (II) and its
CC fragments are used as probes for identifying/cloning 200 kda protein
CC genes from other strains, and for diagnostic detection of M. catarrhalis.
CC Expression of truncated versions of (II) reduces toxicity of the protein
CC towards the Escherichia coli host. The present sequence represents a
CC M. catarrhalis strain 4223 200kda partial nucleotide sequence, which is
CC used in an example from the present invention.
XX
SQ Sequence 720 BP; 201 A; 142 C; 140 G; 237 T; 0 other;

Query Match 2.9%; Score 179; DB 22; Length 720;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.3e-36;
Matches 179; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Oy 1 ATGATCACAATCATTAAGTCATCTTAACAAGCCACAGCAGCAATTTATGCGAGTGGCA 60
Db 542 ATGATCACAATCATTAAGTCATCTTAACAAGCCACAGCAGCAATTTATGCGAGTGGCA 601
Oy 61 GAGTAGCCCAATCCACAGCAGCGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGCAAGTTGGCAGT 120
Db 602 GAGTAGCCCAATCCACAGCAGCGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGCAAGTTGGCAGT 661
Oy 121 GTATGCACCTGTGAGCTTTGCCCGCTATTTGCCGCGCTGCTGCTGTGATCGGTGCAAC 179

```

Db 662 GATGACACTGAGCTTTGGCCGTAFTGGCGGCTGCTGCTCTGTGATGCGTGAAC 720

RESULT 12

AAA92496 standard; DNA; 3030 BP.

AC AAA92496;

DT 17-JAN-2001 (first entry)

DE Haemophilus influenzae adhesin (Hia) gene from NTHI strain M407.

KM Hia: adhesin; Haemophilus influenzae adhesin; NTHI: infection; vaccine;
KW non-typeable Haemophilus influenzae; antiinflammatory; auditory;
KV antibacterial; meningitis; epiglottitis; septicemia; otitis media;
diagnosis; immunogenic; antigen; ds.

OS Haemophilus influenzae.

PM WO200055191-A2.

PD 21-SEP-2000.

PF 16-MAR-2000; 2000WO-CA00289.

PR 16-MAR-1999; 99US-0268347.

PA (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.

PI Loosmore SM, Yang Y, Klein MH;

DR WPI: 2000-618897/59.

DR P-PSDB: AAB23857.

PT Novel nucleic acid encoding Hemophilus influenzae adhesin protein, for
use as antigens and vaccines and for treating Hemophilus influenzae
infection

PS Claim 1; Fig 21; 275pp; English.

XX The present sequence represents a Haemophilus influenzae adhesin (Hia)
XX gene from the non-typeable Haemophilus influenzae (NTHI) strain M407.
CC Hia genes and proteins have antiinflammatory, auditory and antibacterial
CC activities, and can be used in the production of a vaccine. An
CC immunogenic composition comprising an Hia gene, a polypeptide encoded
CC by an Hia gene, or a recombinant Hia polypeptide is useful for inducing
CC protection against disease caused by Haemophilus strains in a
CC susceptible host, preferably a human. An Hia protein is useful as an
CC antigen, in immunogenic preparations including vaccines, as a carrier
CC for other immunogens, and in the generation of diagnostic reagents. Hia
CC is useful for treating diseases caused by the infection of Haemophilus
CC influenzae such as meningitis, epiglottitis, septicemia and otitis
CC media. Recombinant production of Hia favours high recovery of the
CC protein compared to the low recovery of native protein from Haemophilus
CC influenzae species. A truncated protein has a significantly higher
CC amount of recovery than a full-length protein.

CC Sequence 3030 BP; 965 A; 596 C; 786 G; 683 T; 0 other;

XX Query Match 2.4%; Score 146.2; DB 21; Length 3030;

XX Best Local Similarity 58.4%; Pred. No. 1.4e-27;

XX Matches 281; Conservative 0; Mismatches 188; Indels 12; Gaps 1;

OY 5659 AATCTGACGACAGGTACACACACAGCAGGTGCAACGGTACGGTTAAAGGC 5718

DB 2540 AATCTGAGTGTACGCGGCGGTAACTACACTGCTGGCGCAACGGTACGGTAAACGGC 2599

OY 5719 TTTCGTCGACAAAGCGGCTGTGCGGCTCCGCTGCGGCTCCTGACGCTGACCGCT 5778

DB 2600 TTTCGCGGTGCAACGCGCAGCTGCGGCTTCTGTCGCGCAAGTGGCAAGAAAGACGT 2659

OY 5779 ATCCAAATGTGACAGAGTGAGTACAGTCCACCAGCAGCAGTGGTCAATGTTAGC 5838
DB 2660 ATCCAAAGCTGCGCGGCGGCGCAAAATTCGCTACTTCCACAGATCGATTAAAGTTAGC 2719
OY 5839 CAGTTGTACAAAGCCCAAGCATTTGCCCAACGCAATGAGCTTGACCTGATC 5898
DB 2720 CAGTTGTATGCTGTGCAAAAGGGGTAAACAAC-----CTTGCTGAGCAAGTG 2767
OY 5899 CACCAAAAGCAAAATTAAGCCCAATGAGGATTTTCATCAGCGATGGCGTCCAG 5958
DB 2768 AATTAAGTGGGCAACAGCTGACGATGACAGTACAGTACGGCTTCACAGTTA 2827
OY 5959 CCACAGCCTACATTCCTGCGAGATCCATGTTACCGGGGATTTCCACCACCAACGGT 6018
DB 2828 CCACAAAGCCTCTATGCTGACAGTAAATATGTTTCTATTGCGGGAAGTATATCAAGT 2887
OY 6019 CAAAGTGGTGTGACGAGTGGGACTGTGGAAGCTGTGCAATGTTCAATGGTATTTAA 6078
DB 2888 CAAAGTGGTGTGACGAGTGGGACTGTGGAAGCTGTGCAATGTTCAATGGTATTTAA 6078
OY 6079 ATCAATGTTTACAGCCGATACCCAGCCATGTAGGGGCGGAGTTGTGACGTTTTCAC 6138
DB 2948 TTGTCAGGCAACCAATAGCCAAAGGTTAAACAGGCTTGACAGCAGTGTGTTACAG 3007
OY 6139 T 6139
DB 3008 T 3008

RESULT 13

AAA92493 standard; DNA; 3036 BP.

AC AAA92493;

DT 17-JAN-2001 (first entry)

DE Haemophilus influenzae adhesin (Hia) gene from NTHI strain 33.

KM Hia: adhesin; Haemophilus influenzae adhesin; NTHI: infection; vaccine;
KW non-typeable Haemophilus influenzae; antiinflammatory; auditory;
KV antibacterial; meningitis; epiglottitis; septicemia; otitis media;
diagnosis; immunogenic; antigen; ds.

OS Haemophilus influenzae.

PM WO200055191-A2.

PD 21-SEP-2000.

PF 16-MAR-2000; 2000WO-CA00289.

PR 16-MAR-1999; 99US-0268347.

PA (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.

PI Loosmore SM, Yang Y, Klein MH;

DR WPI: 2000-618897/59.

DR P-PSDB: AAB23854.

PT Novel nucleic acid encoding Hemophilus influenzae adhesin protein, for
use as antigens and vaccines and for treating Hemophilus influenzae
infection

PS Claim 1; Fig 18; 275pp; English.

XX The present sequence represents a Haemophilus influenzae adhesin (Hia)
XX gene from the non-typeable Haemophilus influenzae (NTHI) strain 33.
CC Hia genes and proteins have antiinflammatory, auditory and antibacterial
CC activities, and can be used in the production of a vaccine. An
CC immunogenic composition comprising an Hia gene, a polypeptide encoded
CC by an Hia gene, or a recombinant Hia polypeptide is useful for inducing

CC protection against disease caused by Haemophilus strains in a
 CC susceptible host, preferably a human. An Hia protein is useful as an
 CC antigen, in immunogenic preparations including vaccines, as a carrier
 CC for other immunogens, and in the generation of diagnostic reagents. Hia
 CC is useful for treating diseases caused by the infection of Haemophilus
 CC influenzae such as meningitis, epiglottitis, septicaemia and otitis
 CC media. Recombinant production of Hia favours high recovery of the
 CC protein compared to the low recovery of native protein from Haemophilus
 CC influenzae species. A truncated protein has a significantly higher
 CC amount of recovery than a full-length protein.

XX Sequence 3036 BP; 965 A; 579 C; 799 G; 693 T; 0 other;

Query Match 2.4%; Score 144.6; DB 21; Length 3036;
 Best Local Similarity 58.2%; Pred. No. 3,6e-27;
 Matches 280; Conservative 0; Mismatches 189; Indels 12; Gaps 1;

QY 5659 AATCTGAGGCGACGACGATACCAACCAACGACGAGTCAACCGGTAAAGCG 5718
 DB 2555 AATCTGATGATGAGCGGCGGTAACACTACACGCTGTGTAACGCGTAAAGCGC 2614
 QY 5719 TTTGCTGACAAACGCGGTGGTGGCTCTCCGCTGAGTCAAGTGTGAACGCGT 5778
 DB 2615 TTTGCGGTTGCAACGCGGCGAGTGGTCTCTGCTGGCGCAAGCGCGCAAGAAAGCGT 2674
 QY 5779 ATCCAAATGTGGCAGCAGTGAAGTCACTGCCACGACCGAGTCCGATGTTGATG 5838
 DB 2675 ATCCAAACGTTGCGCGCAGCAAAATTTCCGCTACTTCCACCGATGCGATTAAGCGCAGC 2734
 QY 5839 CAGTTGTACAAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAAGCAACCAATGATGATGATGATG 5898
 DB 2735 CAGTTGTATGCGCGTGGCAAAAGGGTAAACAAAC-----CTTCTGTGACAAAGTG 2782
 QY 5899 CACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGAGGATTTTCATGAGCATGAGCGATGCGTCCATG 5958
 DB 2783 AATAAAGTGGGCAAAAGTCAAGTCAAGTACAGCAAGTGAATTAAGGCTTACAGATTA 2842
 QY 5959 CCACAGCCTACATTCCTGGGAGATTCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6018
 DB 2843 CCACAAAGCCTCTATGTCAGTGAATCAATCAATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2902
 QY 6019 CAAGTGGCGGTGGCAGTGGAGTTCGAAGCTGTCGATATGATGATGATGATGATGATGATG 6078
 DB 2903 CAAGTGGTGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2962
 QY 6079 ATCAATGTTGACGCGGATTAACCAAGGCAATGTAAGGCGCGCAGTGTGCAAGTTTTCAC 6138
 DB 2963 TTTGTCAGGCAACCAATTAAGCAAGTAAACAGCGTTCAGAGGATGTTTACACAG 3022
 QY 6139 T 6139
 DB 3023 T 3023

RESULT 14
 AAA92495
 ID AAA92495 standard; DNA; 3354 BP.

AC AAA92495:
 DT 17-JAN-2001 (first entry)
 XX

DE Haemophilus influenzae adhesin (Hia) gene from NH1 strain K9.

KW Hia: adhesin; Haemophilus influenzae adhesin; NH1; infection; vaccine;
 KW non-typable Haemophilus influenzae; antiinflammatory; auditory;
 KW antibacterial; meningitis; epiglottitis; septicaemia; otitis media;
 KW diagnosis; immunogenic; antigen; ds.

OS Haemophilus influenzae.
 XX
 PN WO200055191-A2.
 XX

PD 21-SEP-2000.

XX 16-MAR-2000; 2000MO-CA00289.

XX 16-MAR-1999; 99US-0268347.

XX (CONN-) CONNAUGHT LAB LTD.

XX Loosmore SM, Yang Y, Klein MH;

XX WPI: 2000-618897/59.

DR P-PSDB: AAB23858.

PT Novel nucleic acid encoding Haemophilus influenzae adhesin protein, for
 PT use as antigens and vaccines and for treating Haemophilus influenzae
 PT infection

XX Claim 1; Fig 22; 275bp; English.

The present sequence represents a Haemophilus influenzae adhesin (Hia) gene from the non-typable Haemophilus influenzae (NH1) strain K9. Hia genes and proteins have antiinflammatory, auditory and antibacterial activities, and can be used in the production of a vaccine. An immunogenic composition comprising an Hia gene, a polypeptide encoded by an Hia gene, or a recombinant Hia polypeptide is useful for inducing protection against disease caused by Haemophilus strains in a susceptible host, preferably a human. An Hia protein is useful as an antigen, in immunogenic preparations including vaccines, as a carrier for other immunogens, and in the generation of diagnostic reagents. Hia is useful for treating diseases caused by the infection of Haemophilus influenzae such as meningitis, epiglottitis, septicaemia and otitis media. Recombinant production of Hia favours high recovery of the protein compared to the low recovery of native protein from Haemophilus influenzae species. A truncated protein has a significantly higher amount of recovery than a full-length protein.

SO Sequence 3354 BP; 1082 A; 639 C; 866 G; 767 T; 0 other;

Query Match 2.3%; Score 139.8; DB 21; Length 3354;
 Best Local Similarity 57.6%; Pred. No. 7.1e-26;
 Matches 277; Conservative 0; Mismatches 192; Indels 12; Gaps 1;

QY 5659 AATTTGACGCGACAGGTATCAACCAACAGCAGGTGCAACCGGTAAAGCG 5718
 DB 2864 AATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 2923
 QY 5719 TTTGCTGACAAACGCGGTGGTGGCTCTCCGCTGAGTCAAGTGTGAACGCGT 5778
 DB 2924 TTTGCGGTTGCAACGCGCGACGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2983
 QY 5779 ATCCAAATGTGGCAGCAGTGAAGTTCGACCAACGACCGATGCGTCAATGTAAGC 5838
 DB 2984 ATCCAAACGTCGCGCGAGCGGAATTTCCGCCATTCACGATGATGATGATGATGATGATG 3043
 QY 5839 CAGTTGTCAAAAGCCACCAAAAGCATTTGCCAAGCAACCAATGAGCTTGACATGTAATC 5898
 DB 3044 CAGTTGTATGCTG-----TGGCAAAAGGGGTAAACAAATCTTGTGCGAACAAGTG 3091
 QY 5899 CACCAAAAGCAAAATTAAGGCCAATGAGGATTTTCATCAGGAGGATGCGGTTCATG 5958
 DB 3092 AATAAAGTGGCAAAACGTCAGATGCAAGTTCACCAAGATGATTAAGCACTTCAAGTTA 3151
 QY 5959 CCACAAAGCCTATTCCTGCGAGATTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6018
 DB 3152 CCACAAAGCCTATTCCTGCGAGATTCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 6078
 QY 6019 CAAGTGGCGGTGGCAGTGGAGTTCGAAGCTGTCGATTAATGTAAGTGAATGTTTAA 6078
 DB 3212 CAAAATGTTTATGCTATGCGGCTATCAAGATTTCCGATTAATGCAAGTGAATTAATGCG 3271
 QY 6079 ATCAATGTTGACGCGGATTAACCAAGGCAATGTAAGGCGCGCAGTGTGCAAGTTTTCAC 6138
 DB 3272 TTTGTCAGGCAACCAATTAAGCAAGGCGTTCAGAGGATGTTTACACAG 3331

GenCore version 5.1.4.p5_4578
Copyright (c) 1993 - 2003 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 16, 2003, 05:43:25 ; Search time 10026.1 Seconds
(without alignments)
17825.452 Million cell updates/sec

Title: US-09-361-619-6
Perfect score: 6141
Sequence: 1 atgaatcacatctataaagt.....ttgtgtcaggtttcacttt 6141

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 2054640 seqs, 14551402878 residues
Total number of hits satisfying chosen parameters: 4109280

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

GenEmbl:*

- 1: gb_ba:*
- 2: gb_htg:*
- 3: gb_in:*
- 4: gb_om:*
- 5: gb_ov:*
- 6: gb_pat:*
- 7: gb_ph:*
- 8: gb_pl:*
- 9: gb_pr:*
- 10: gb_ro:*
- 11: gb_sts:*
- 12: gb_sy:*
- 13: gb_un:*
- 14: gb_vi:*
- 15: em_ba:*
- 16: em_fun:*
- 17: em_hum:*
- 18: em_in:*
- 19: em_mu:*
- 20: em_om:*
- 21: em_or:*
- 22: em_ov:*
- 23: em_ph:*
- 24: em_pl:*
- 25: em_ro:*
- 26: em_sts:*
- 27: em_un:*
- 28: em_vi:*
- 29: em_vl:*
- 30: em_htg_hum:*
- 31: em_htg_in:*
- 32: em_htg_other:*
- 33: em_htg_mus:*
- 34: em_htg_pln:*
- 35: em_htg_rnd:*
- 36: em_htg_mam:*
- 37: em_htg_vit:*
- 38: em_sy:*
- 39: em_htg_hum:*
- 40: em_htg_mus:*
- 41: em_htg_other:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a

score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	6141	100.0	6141	6 AX079918	AX079918 Sequence
2	6141	100.0	6972	6 AX079917	AX079917 Sequence
3	6130	99.8	6973	6 AR040716	AR040716 Sequence
4	6130	99.8	6973	6 AX079913	AX079913 Sequence
5	6119	99.6	6975	6 AR181131	AR181131 Sequence
6	5976	97.3	6259	6 AX079914	AX079914 Sequence
7	5975	97.3	6259	6 AX079924	AX079924 Sequence
8	4101.6	66.8	6159	6 AX079920	AX079920 Sequence
9	4042.2	65.8	6282	1 AY077637	AY077637 Moraxella
10	3973.4	64.7	62909	6 AX067457	AX067457 Sequence
11	3132	51.0	3135	6 AX079957	AX079957 Sequence
12	2734.2	44.5	7286	1 AY077638	AY077638 Moraxella
13	2590	42.2	6942	6 AX079922	AX079922 Sequence
14	2448	39.9	2448	6 AX079959	AX079959 Sequence
15	146.2	2.4	3030	6 AR181429	AR181429 Sequence
16	144.6	2.4	3036	6 AR181426	AR181426 Sequence
17	92.4	1.5	3900	1 PMU277635	PMU277635 Pasteurel
18	92.4	1.5	10533	1 AE006194	AE006194 Pasteurel
19	88.8	1.4	11258	1 AE013787	AE013787 Yersinia
20	88.8	1.4	195050	1 AJ414149	AJ414149 Yersinia
21	87.6	1.4	147671	2 AC105625	AC105625 Rattus no
22	84.2	1.4	5334	6 AX276139	AX276139 Sequence
23	84.2	1.4	6678	6 AX276136	AX276136 Sequence
24	83.6	1.4	2037	6 AR138422	AR138422 Sequence
25	82.8	1.3	3294	6 AR138420	AR138420 Sequence
26	82.8	1.3	3294	6 AR181438	AR181438 Sequence
27	82.8	1.3	3294	6 I55122	I55122 Sequence 1
28	82.8	1.3	3701	1 HU38617	HU38617 Haemophilus
29	82.6	1.3	6091	6 AR204304	AR204304 Sequence
30	82.6	1.3	7236	1 AB036416	AB036416 Escherich
31	82.6	1.3	11159	1 AE005587	AE005587 Escherich
32	82.6	1.3	280900	1 AF002566	AF002566 Escherich
33	82	1.2	2079	6 AR181427	AR181427 Sequence
34	76.6	1.2	1812	6 AR181433	AR181433 Sequence
35	76.4	1.2	3300	6 AR181430	AR181430 Sequence
36	76.4	1.2	7062	1 U41852	U41852 Haemophilus
37	76.4	1.2	7253	6 AR181432	AR181432 Sequence
38	76.4	1.2	7291	6 AR138421	AR138421 Sequence
39	75.2	1.2	20651	1 AE008871	AE008871 Salmonell
40	75	1.2	11650	1 U32846	U32846 Haemophilus
41	74.4	1.2	3324	1 AY277623	AY277623 Salmonell
42	74.4	1.2	245050	1 AL627280	AL627280 Salmonell
43	70.2	1.1	15021	1 AE003982	AE003982 Yersinia f
44	68.6	1.1	11156	1 AE013929	AE013929 Yersinia
45	68.6	1.1	208050	1 AJ414145	AJ414145 Yersinia

ALIGNMENTS

RESULT 1
AX079918
LOCUS AX079918 6141 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
DEFINITION Sequence 6 from Patent WO0107619.
ACCESSION AX079918
VERSION AX079918.1 GI:13159439
KEYWORDS
SOURCE Moraxella catarhalis.
ORGANISM Moraxella catarhalis
Bacteria: Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
Moraxella
1 (bases 1 to 6141)
REFERENCE
AUTHORS Loomisore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.
TITLE Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of moraxella

JOURNAL Patent: WO 0107619-A 6 01-FEB-2001;
CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
FEATURES Location/Qualifiers
source 1.6141
/organism="Moraxella catarrhalis"
/db_xref="taxon:480"
BASE COUNT 2012 a 1403 c 1399 g 1327 t
ORIGIN
Query Match 100.0%; Score 6141; DB 6; Length 6141;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 ATGAATACATCTATAAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGACACATTTATAGCAGTGGCA 60
DB 1 ATGAATACATCTATAAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGACACATTTATAGCAGTGGCA 60
QY 61 GACTAGCCCAATCCACAGACAGGGGGGGTACTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAGT 120
DB 61 GACTAGCCCAATCCACAGACAGGGGGGGTACTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAGT 120
QY 121 GATGACCTGTAGCTTGGCCGATTTGCCGCTGCTGCTCCGTCGATCGGTGCAACG 180
DB 121 GATGACCTGTAGCTTGGCCGATTTGCCGCTGCTGCTCCGTCGATCGGTGCAACG 180
QY 181 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCGCAATTTGGTAACAA 240
DB 181 CTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCGCAATTTGGTAACAA 240
QY 241 AACGACGCAAGAGCTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGTATGAGGACATTTGCTATTGGT 300
DB 241 AACGACGCAAGAGCTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGTATGAGGACATTTGCTATTGGT 300
QY 301 GAAATATGCTAACGCACAGGGCGGTCAAGCCATGCGCTAGTAGTAATAAATCTGTC 360
DB 301 GAAATATGCTAACGCACAGGGCGGTCAAGCCATGCGCTAGTAGTAATAAATCTGTC 360
QY 361 AATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCAGTCTACGGGTCAAGGTCATCGCCATC 420
DB 361 AATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGTACCAGTCTACGGGTCAAGGTCATCGCCATC 420
QY 421 GGTGGATGATTAAGGTATGGTATGCTGCATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGATTC 480
DB 421 GGTGGATGATTAAGGTATGGTATGCTGCATTCGATTCGATTCGATTCGATTCGATTC 480
QY 481 TTGCTTGATCAGCATGTATCTTAACATCCGAAGGTACTGCTGATTAACGATCTTATT 540
DB 481 TTGCTTGATCAGCATGTATCTTAACATCCGAAGGTACTGCTGATTAACGATCTTATT 540
QY 541 AACGCCATGCACTATTAAGAATATGCAAGCTCAAGGATTAATGATTAATATATAGA 600
DB 541 AACGCCATGCACTATTAAGAATATGCAAGCTCAAGGATTAATGATTAATATATAGA 600
QY 601 CGGACAACCGCAAGCGGACAGGCACTAGTCAGTGGAGCCATGTATATGCAAGGGT 660
DB 601 CGGACAACCGCAAGCGGACAGGCACTAGTCAGTGGAGCCATGTATATGCAAGGGT 660
QY 661 CATTTTTCACAAGCCTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAGTGGCTATTCCTTGGCAGTG 720
DB 661 CATTTTTCACAAGCCTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAGTGGCTATTCCTTGGCAGTG 720
QY 721 GGTCTTGCCGCAACGCGAAGGCAATCTACAATGCTATTGGTCTGATGCAACATCT 780
DB 721 GGTCTTGCCGCAACGCGAAGGCAATCTACAATGCTATTGGTCTGATGCAACATCT 780
QY 781 AGCTCGTGGGAGGATAGCCCTTTGGTGCAGTACTGCTGCTACAGGAGGAGATTT 840
DB 781 AGCTCGTGGGAGGATAGCCCTTTGGTGCAGTACTGCTGCTACAGGAGGAGATTT 840
QY 841 GCCTTAGGTAAGGTTTGTGTCACAGAGTATATATTTTACACCGGCTATACA 900
DB 841 GCCTTAGGTAAGGTTTGTGTCACAGAGTATATATTTTACACCGGCTATACA 900

QY 901 CCAATATCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATGAAAGCGGGTCCA 960
DB 901 CCAATATCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATGAAAGCGGGTCCA 960
QY 961 CTTTCCATTGGTAGTAACTCTATCAACGTAATATCATATGTCCGTGAGGTATTAT 1020
DB 961 CTTTCCATTGGTAGTAACTCTATCAACGTAATATCATATGTCCGTGAGGTATTAT 1020
QY 1021 AAAACGATCGGTCATGTCAGTGAAGCGGTGAGTGAAGGGGTAAAGGAGCGT 1080
DB 1021 AAAACGATCGGTCATGTCAGTGAAGCGGTGAGTGAAGGGGTAAAGGAGCGT 1080
QY 1081 AGAATTAATTTTCAAGGCTGATGATTAACAGTACTGACGTAAATAATAGTTTGGATTAAT 1140
DB 1081 AGAATTAATTTTCAAGGCTGATGATTAACAGTACTGACGTAAATAATAGTTTGGATTAAT 1140
QY 1141 TTAACATTTAAAGTGGTGCAGACCAAGGCAATTAACGATTAATAATATGCGTGGTGA 1200
DB 1141 TTAACATTTAAAGTGGTGCAGACCAAGGCAATTAACGATTAATAATATGCGTGGTGA 1200
QY 1201 AAAGAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGTCTAAACCTTTAAACATCTTACT 1260
DB 1201 AAAGAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGTCTAAACCTTTAAACATCTTACT 1260
QY 1261 GAGGTGAATACACTACATTTAATGCCACAACCAAGTAAAGTAGTAGTAGTAGT 1320
DB 1261 GAGGTGAATACACTACATTTAATGCCACAACCAAGTAAAGTAGTAGTAGTAGT 1320
QY 1321 ACTACAGCTGAATTAATGAGTATGATTAACCTTTACCGACGCCAATACAGCAGTCAA 1380
DB 1321 ACTACAGCTGAATTAATGAGTATGATTAACCTTTACCGACGCCAATACAGCAGTCAA 1380
QY 1381 AGCACAAGCAAAACCGTCTATGCGTTAATGGGTGAAGTTTACTAATAATGCAAGAAACA 1440
DB 1381 AGCACAAGCAAAACCGTCTATGCGTTAATGGGTGAAGTTTACTAATAATGCAAGAAACA 1440
QY 1441 ACAGACGCAATCGGCACTACTCGTATTAACAGAGATTAATTTGGCTTGTCCAGATGCT 1500
DB 1441 ACAGACGCAATCGGCACTACTCGTATTAACAGAGATTAATTTGGCTTGTCCAGATGCT 1500
QY 1501 GATGTTGATGAAAAAAGCAGCACCATTTTGGATTAATAAACAATTAAGTGGTAGTGT 1560
DB 1501 GATGTTGATGAAAAAAGCAGCACCATTTTGGATTAATAAACAATTAAGTGGTAGTGT 1560
QY 1561 GCAATTAACATAGCAATGSCATTTGATGACAGTATTAATAAAGATCAATCTTGGCCAAA 1620
DB 1561 GCAATTAACATAGCAATGSCATTTGATGACAGTATTAATAAAGATCAATCTTGGCCAAA 1620
QY 1621 GGTAGCAGTGTCTAAGCATGTCGGTTTACCATGGAACAGCTCAAGCGGCCAAGCCTACTTA 1680
DB 1621 GGTAGCAGTGTCTAAGCATGTCGGTTTACCATGGAACAGCTCAAGCGGCCAAGCCTACTTA 1680
QY 1681 AACGACGCGCTGSCATCACTGTGCACACTACTGAATAATACAGTTGATGCTAAGAGTGGC 1740
DB 1681 AACGACGCGCTGSCATCACTGTGCACACTACTGAATAATACAGTTGATGCTAAGAGTGGC 1740
QY 1741 AATGTTACGCCCCCACTTACACATTTGCGTGAANAACCAAGGCTTAAACGTATGCT 1800
DB 1741 AATGTTACGCCCCCACTTACACATTTGCGTGAANAACCAAGGCTTAAACGTATGCT 1800
QY 1801 ACTAGTATTAATTTACTGTTAAGGGTAGTGTGACGAACAATAGCTTAGTACCAGCCGAA 1860
DB 1801 ACTAGTATTAATTTACTGTTAAGGGTAGTGTGACGAACAATAGCTTAGTACCAGCCGAA 1860
QY 1861 CATTTGGCAAGCTATCTTAATTAAGAGTCAATGCAAGGCTACAGTGTCTTACAAAGCTTT 1920
DB 1861 CATTTGGCAAGCTATCTTAATTAAGAGTCAATGCAAGGCTACAGTGTCTTACAAAGCTTT 1920
QY 1921 ACCGTTAAAGAAAGAGATGATGACGCCAAGCCTTTCACCGTGGCTAAAGATACGACA 1980
DB 1921 ACCGTTAAAGAAAGAGATGATGACGCCAAGCCTTTCACCGTGGCTAAAGATACGACA 1980
QY 1981 AAAAATGCGGCGCAGTCAGCATCTTAAAACTCAAAAGTAAAAAGCGTTAACGGTTGCT 2040

Db	1981	AAAAATCGGGCGAGTCACGATCTTTAAACTGAAAGGTAAAGGCTTAACGGTTGCT	2040
Qy	2041	ACCAAAAAGANTGGTACGGTTTACCTTTGGGCTTAGCGCAAGATAGCGGCTACCATTTGGC	2100
Db	2041	ACCAAAAAGANTGGTACGGTTTACCTTTGGGCTTAGCGCAAGATAGCGGCTACCATTTGGC	2100
Qy	2101	AAAAGCACCTTAACAACATGATGCGCTTGACTGTTAAAGATACCAACGAACAATCCAAATC	2160
Db	2101	AAAAGCACCTTAACAACATGATGCGCTTGACTGTTAAAGATACCAACGAACAATCCAAATC	2160
Qy	2161	GGTGTATATGGCAATTAAATTACTATATGTAGATGGTAGAATCCAGGTACTGGGATTGCA	2220
Db	2161	GGTGTATATGGCAATTAAATTACTATATGTAGATGGTAGAATCCAGGTACTGGGATTGCA	2220
Qy	2221	AATACCGCTCGCATTTACAGAGATATAAATTTGGCTTTGGCTTGATGGTGCAGTTGAT	2280
Db	2221	AATACCGCTCGCATTTACAGAGATATAAATTTGGCTTTGGCTTGATGGTGCAGTTGAT	2280
Qy	2281	ACAAACAACCTTATCTTGATCAAGACAAGCTACAAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAAC	2340
Db	2281	ACAAACAACCTTATCTTGATCAAGACAAGCTACAAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAAC	2340
Qy	2341	ACTGGCATTTAACGCAAGTGGTTAAAGCCATCACAAGGCGTGTCCCAACACTGCTGACATT	2400
Db	2341	ACTGGCATTTAACGCAAGTGGTTAAAGCCATCACAAGGCGTGTCCCAACACTGCTGACATT	2400
Qy	2401	GCCGATCAAAAGTAGCGCAATAGAACTGGGCAATACATCAAGACAAGACAACAAATCC	2460
Db	2401	GCCGATCAAAAGTAGCGCAATAGAACTGGGCAATACATCAAGACAAGACAACAAATCC	2460
Qy	2461	AAGCGTCCAGCAATTAAATGATATATTAAATACAGGCTTTAACCTTAAAAAATAATACAC	2520
Db	2461	AAGCGTCCAGCAATTAAATGATATATTAAATACAGGCTTTAACCTTAAAAAATAATACAC	2520
Qy	2521	CCGATTCACCTTGTCTCCCACTTATAGACATTTGTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC	2580
Db	2521	CCGATTCACCTTGTCTCCCACTTATAGACATTTGTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC	2580
Qy	2581	GCCACATTAACCCATGATACCGCTTACAACAAACCACTAAAGTGTATGATGTAATGTG	2640
Db	2581	GCCACATTAACCCATGATACCGCTTACAACAAACCACTAAAGTGTATGATGTAATGTG	2640
Qy	2641	GATGATACAACATTCATCTTACAGGCACTGATGACAATAAANAACCTTGGCGTCAAAAC	2700
Db	2641	GATGATACAACATTCATCTTACAGGCACTGATGACAATAAANAACCTTGGCGTCAAAAC	2700
Qy	2701	ACCAAACTGAACAAACAAAGTGTATGTATGTATACAGCAACTAACCTTAAATGTTAACTCT	2760
Db	2701	ACCAAACTGAACAAACAAAGTGTATGTATGTATGTATACAGCAACTAACCTTAAATGTTAACTCT	2760
Qy	2761	AGTATGAAGATGCGCTTGTTTAACGGCAANAAGCATGCGGGAANAATCTTAAACCTTGCC	2820
Db	2761	AGTATGAAGATGCGCTTGTTTAACGGCAANAAGCATGCGGGAANAATCTTAAACCTTGCC	2820
Qy	2821	AAGGAATTCACACCAACAAAGGACACAGACAGACACCGCTTACAACCTTTACCGTTAA	2880
Db	2821	AAGGAATTCACACCAACAAAGGACACAGACAGACACCGCTTACAACCTTTACCGTTAA	2880
Qy	2881	AAGTGAATTAATAATATATATGCTGATGACGCGCAACGCGCATCACCGTGGCTAAAGAAC	2940
Db	2881	AAGTGAATTAATAATATATGCTGATGACGCGCAACGCGCATCACCGTGGCTAAAGAAC	2940
Qy	2941	GCAATTAATGAATCAACACCCCTAACACATCAACAAAGGTGAAAGCGGCTTAAATTTAAAC	3000
Db	2941	GCAATTAATGAATCAACACCCCTAACACATCAACAAAGGTGAAAGCGGCTTAAATTTAAAC	3000
Qy	3001	GACAAAATGTAAGGTTACCTTTGGCATTAACACACAAGCGGCTTAAAGCGCGGAAA	3060
Db	3001	GACAAAATGTAAGGTTACCTTTGGCATTAACACACAAGCGGCTTAAAGCGCGGAAA	3060
Qy	3061	AGCACCTTAAGACAGGTGGCTTGTCTATTAAAAAACCACCTGGTAGGAAACAATCAA	3120
Db	3061	AGCACCTTAAGACAGGTGGCTTGTCTATTAAAAAACCACCTGGTAGGAAACAATCAA	3120

D	3061	AGACCCCTTAAAGCAGCGGTGGCTTGCTATTAAAAACCCCACTGGTGAAGCAAAATCCAA	3120
Q	3121	GTGCGGTGTGATGGCGCTGTAAGTTTGGCAAGTTAATAATAAAGTGTGTAGTGGTGGC	3180
D	3121	GTGCGGTGTGATGGCGCTGTAAGTTTGGCAAGTTAATAATAAAGTGTGTAGTGGTGGC	3180
Q	3181	ATTGATGGCACAACTGCGATTACACAGAGATGAAATTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCA	3240
D	3181	ATTGATGGCACAACTGCGATTACACAGAGATGAAATTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCA	3240
Q	3241	CTTGTAAANAAGCAACCCCACTTAAGCAAAAGCGCATTAACGCAAGTGGTAAAAAAGTT	3300
D	3241	CTTGTAAANAAGCAACCCCACTTAAGCAAAAGCGCATTAACGCAAGTGGTAAAAAAGTT	3300
Q	3301	ACCAACATTCAATCAGGTAGATTTGGCCAAAACAGCATGATGCTGTGACAGCGGCAG	3360
D	3301	ACCAACATTCAATCAGGTAGATTTGGCCAAAACAGCATGATGCTGTGACAGCGGCAG	3360
Q	3361	ATTATGATTTAAAAACCGAAGCTGAAAAAATAATCAGCAGTACGCAAAACAGCACAA	3420
D	3361	ATTATGATTTAAAAACCGAAGCTGAAAAAATAATCAGCAGTACGCAAAACAGCACAA	3420
Q	3421	AACTCATTTACAGGAATTTCTCAGTAGAGATGAACAAGGTAAATTAATTAATTAATTAAT	3480
D	3421	AACTCATTTACAGGAATTTCTCAGTAGAGATGAACAAGGTAAATTAATTAATTAATTAAT	3480
Q	3481	CGTTACTCCAGTTATACACCTCTCAAAAGCCTGATGTATCAACCTTGTCAGGTGAAG	3540
D	3481	CGTTACTCCAGTTATACACCTCTCAAAAGCCTGATGTATCAACCTTGTCAGGTGAAG	3540
Q	3541	GGCATTATCACCAAGGTAATTAAGGTGTGGTGGCGATTGGGCAATTAACCAAAAGC	3600
D	3541	GGCATTATCACCAAGGTAATTAAGGTGTGGTGGCGATTGGGCAATTAACCAAAAGC	3600
Q	3601	TTTAACCAAGGCTTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	3660
D	3601	TTTAACCAAGGCTTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT	3660
Q	3661	CAAAATGTGCATAAATTCATACAGAGACTTACAGCACTCTGATGTTTACCAATGAT	3720
D	3661	CAAAATGTGCATAAATTCATACAGAGACTTACAGCACTCTGATGTTTACCAATGAT	3720
Q	3721	AAAGGTAGCGTACGACCAAGCAAGGCGAATTAATCAAAAGACGAACAAACCCGT	3780
D	3721	AAAGGTAGCGTACGACCAAGCAAGGCGAATTAATCAAAAGACGAACAAACCCGT	3780
Q	3781	GGCGCGAGCATTTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAGAGCAATGGTGAAGCG	3840
D	3781	GGCGCGAGCATTTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAGAGCAATGGTGAAGCG	3840
Q	3841	GTTGACTTGTGTCCACCTTATGACACCGTCACCTTGGCGATGGGCAATGGCCACACCGCT	3900
D	3841	GTTGACTTGTGTCCACCTTATGACACCGTCACCTTGGCGATGGGCAATGGCCACACCGCT	3900
Q	3901	AAAGTGACCTATGATATACACAAGCAAAACAGTAAAGTGGTATGATGTCAATGATGAT	3960
D	3901	AAAGTGACCTATGATATACACAAGCAAAACAGTAAAGTGGTATGATGTCAATGATGAT	3960
Q	3961	GATACACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAATTTGGCGTAAAAAACCAACCATTTGACCACT	4020
D	3961	GATACACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAATTTGGCGTAAAAAACCAACCATTTGACCACT	4020
Q	4021	ACTGGCAGCGGTGTAATTAATTTGGCCCAACCAATCAAGCTACGTGGCATGCGCTTGTG	4080
D	4021	ACTGGCAGCGGTGTAATTAATTTGGCCCAACCAATCAAGCTACGTGGCATGCGCTTGTG	4080
Q	4081	AAAGGCAGATATGTTTCTCATGTAAACACCTTATCTGGGACATCCAAACTGCCAA	4140
D	4081	AAAGGCAGATATGTTTCTCATGTAAACACCTTATCTGGGACATCCAAACTGCCAA	4140
Q	4141	GGGGCAAGCAAGCAAACTTACAGAGGCTATGTGGATGCTGATGGCAATTAAGGTCATC	4200
D	4141	GGGGCAAGCAAGCAAACTTACAGAGGCTATGTGGATGCTGATGGCAATTAAGGTCATC	4200

QY 4201 TATGACACTACCGATTAACACTACTATCAACCAAAATGATGCGACAGTTGATTAACCC 4260
 |||||||
 Db 4201 TATGACAGTACCAGTAAACATACATCAACCAAAATGATGCGACAGTTGATTAACCC 4260
 QY 4261 AAGAGAGTTGGCAAAAGCAAACTGGTGGCCAGAGCCCAACCCAGATGGACATTTGGCT 4320
 |||||||
 Db 4261 AAGAGAGTTGGCAAAAGCAAACTGGTGGCCAGAGCCCAACCCAGATGGACATTTGGCT 4320
 QY 4321 CAATGAAATGTCAAATCAGTCAATTAACAAGAACAGTAATGATGCCAATTAAGCAAA 4380
 |||||||
 Db 4321 CAATGAAATGTCAAATCAGTCAATTAACAAGAACAGTAATGATGCCAATTAAGCAAA 4380
 QY 4381 GGCATCAATGAAAGCAACGCGCTTTGTTAAGAGACTGTAAGAAAGCGCGCTTGATTAACAA 4440
 |||||||
 Db 4381 GGCATCAATGAAAGCAACGCGCTTTGTTAAGAGACTGTAAGAAAGCGCGCTTGATTAACAA 4440
 QY 4441 ACCAAAAAGCGCGCACTGATGCTGATTAATTAATGCGCTTGGCCAAACACCGCTGACC 4500
 |||||||
 Db 4441 ACCAAAAAGCGCGCACTGATGCTGATTAATTAATGCGCTTGGCCAAACACCGCTGACC 4500
 QY 4501 TTTTGAGGGGATACAGGCAACGGCTTAAAAACTGGCGAGACTTTGACCATCAAGGT 4560
 |||||||
 Db 4501 TTTTGAGGGGATACAGGCAACGGCTTAAAAACTGGCGAGACTTTGACCATCAAGGT 4560
 QY 4561 GGGCAACAGACACCAATAGCTAACGATATAATCATCGGTGTGATGAGAGTACTGAT 4620
 |||||||
 Db 4561 GGGCAACAGACACCAATAGCTAACGATATAATCATCGGTGTGATGAGAGTACTGAT 4620
 QY 4621 GGGCTTCACTGTCAAACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGACAGTGGC 4680
 |||||||
 Db 4621 GGGCTTCACTGTCAAACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGACAGTGGC 4680
 QY 4681 ACCAAAAATTTGATGACAAAGCGCTGCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAACCAAC 4740
 |||||||
 Db 4681 ACCAAAAATTTGATGACAAAGCGCTGCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAACCAAC 4740
 QY 4741 ACCCTGTGCTAAGTACCAATGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTATCATGATGAGTGGGC 4800
 |||||||
 Db 4741 ACCCTGTGCTAAGTACCAATGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTATCATGATGAGTGGGC 4800
 QY 4801 AAAGCACAACCAAGATACCGACGCTGCCATGTACAAACACTTAACAGAGTACGCAACTTG 4860
 |||||||
 Db 4801 AAAGCACAACCAAGATACCGACGCTGCCATGTACAAACACTTAACAGAGTACGCAACTTG 4860
 QY 4861 TTGGCTTGTGTAATGCTGTAATGATTAACGCTGACGGCAATCAGTAAACATTGCCGAC 4920
 |||||||
 Db 4861 TTGGCTTGTGTAATGCTGTAATGATTAACGCTGACGGCAATCAGTAAACATTGCCGAC 4920
 QY 4921 ATCAAAAAAGACCCCAAAATTCAGGTTCAATCATCTAACCGCACTGTATCAACAGGACG 4980
 |||||||
 Db 4921 ATCAAAAAAGACCCCAAAATTCAGGTTCAATCATCTAACCGCACTGTATCAACAGGACG 4980
 QY 4981 GTACTTGGGGTAAAGTAATTAACGATACCGAAAACTGGCACTGGTGTATACAGTG 5040
 |||||||
 Db 4981 GTACTTGGGGTAAAGTAATTAACGATACCGAAAACTGGCACTGGTGTATACAGTG 5040
 QY 5041 GGCCTGATTAAGAGAGGCAACGCTTAACGCGATTTAAGCAATGTTGGTCAAAACCCAA 5100
 |||||||
 Db 5041 GGCCTGATTAAGAGAGGCAACGCTTAACGCGATTTAAGCAATGTTGGTCAAAACCCAA 5100
 QY 5101 AAAGATGCGACGCAAAAAAGCCCTGCTCGCCTTATTAACGCGCAGGTGACGCAACTAT 5160
 |||||||
 Db 5101 AAAGATGCGACGCAAAAAAGCCCTGCTCGCCTTATTAACGCGCAGGTGACGCAACTAT 5160
 QY 5161 TTGACCAACAAACCGCGCAAGCAATGACAAATTAATTAAGCAAAAGGTATCGCTTCTTC 5220
 |||||||
 Db 5161 TTGACCAACAAACCGCGCAAGCAATGACAAATTAATTAAGCAAAAGGTATCGCTTCTTC 5220
 QY 5221 CATGTCAACGATGCAATCAAGAGCTGTGTACAAAGGCGGTAAACGCAATGACTCAACT 5280
 |||||||
 Db 5221 CATGTCAACGATGCAATCAAGAGCTGTGTGTACAAAGGCGGTAAACGCAATGACTCAACT 5280

QY 5281 GCTCAGGACAGCACTGATGGCGATAGGTTCCAGGCCAAGGCGATGTAAGCCGCC 5340
 |||||||
 Db 5281 GCTCAGGACAGCACTGATGGCGATAGGTTCCAGGCCAAGGCGATGTAAGCCGCC 5340
 QY 5341 GTTGCCATAGGCAACAACCCAAAGCAGCAACCAATTCATCGCATGCGTATACGCA 5400
 |||||||
 Db 5341 GTTGCCATAGGCAACAACCCAAAGCAGCAACCAATTCATCGCATGCGTATACGCA 5400
 QY 5401 CAAGCCAGGCGGATTCATTCATCGCATGCGTATACGCAACCAATTCATCGCATGCGTATACGCA 5460
 |||||||
 Db 5401 CAAGCCAGGCGGATTCATTCATCGCATGCGTATACGCAACCAATTCATCGCATGCGTATACGCA 5460
 QY 5461 TCTGTGCTCATGCGGAGCAACCAAGCACTGTTAAGCGTAAACAGTTACAGTGGGTAAAT 5520
 |||||||
 Db 5461 TCTGTGCTCATGCGGAGCAACCAAGCACTGTTAAGCGTAAACAGTTACAGTGGGTAAAT 5520
 QY 5521 AACCAACGATTACCGATTCGCAATCAACCAATGCTGTTGGTGGGCAATTAACATCAC 5580
 |||||||
 Db 5521 AACCAACGATTACCGATTCGCAATCAACCAATGCTGTTGGTGGGCAATTAACATCAC 5580
 QY 5581 GTGACCGAAGTAACTCGGTTGCTTAACTGTTCAAACTCTGCCATCAGTACAGGCAACAC 5640
 |||||||
 Db 5581 GTGACCGAAGTAACTCGGTTGCTTAACTGTTCAAACTCTGCCATCAGTACAGGCAACAC 5640
 QY 5641 GCAGGACACCAAGCCAAAAATCTGACGCGCACACGAGTACACCAACCAAGAGTGCA 5700
 |||||||
 Db 5641 GCAGGACACCAAGCCAAAAATCTGACGCGCACACGAGTACACCAACCAAGAGTGCA 5700
 QY 5701 ACCGTTAGGTTAAAGGTTGTGTCGACCAACGCGGTTGGTGGGCTCCGTGGGTTGCC 5760
 |||||||
 Db 5701 ACCGTTAGGTTAAAGGTTGTGTCGACCAACGCGGTTGGTGGGCTCCGTGGGTTGCC 5760
 QY 5761 TCAGGTGCTGAACGCGCTGATCCAAATGTTGGCAGAGGTGAGTCAAGTCCACCAAGCACC 5820
 |||||||
 Db 5761 TCAGGTGCTGAACGCGCTGATCCAAATGTTGGCAGAGGTGAGTCAAGTCCACCAAGCACC 5820
 QY 5821 GATGCGGTCATGTTGATGAGCAATGTTGACAAAGCCACCAACCAATGTTCCAAAGCAAT 5880
 |||||||
 Db 5821 GATGCGGTCATGTTGATGAGCAATGTTGACAAAGCCACCAACCAATGTTCCAAAGCAAT 5880
 QY 5881 GAGCTTGAACCATGCTATCCACCAACCAAGCAATGTTGACAGGATTTCAATCAGCG 5940
 |||||||
 Db 5881 GAGCTTGAACCATGCTATCCACCAACCAAGCAATGTTGACAGGATTTCAATCAGCG 5940
 QY 5941 ATGGGATGGCTGCATGCCACCAAGCTTACATTCCTGCGACATCATGTTACCGGGGCT 6000
 |||||||
 Db 5941 ATGGGATGGCTGCATGCCACCAAGCTTACATTCCTGCGACATCATGTTACCGGGGCT 6000
 QY 6001 ATGGCACCACCAAGGTCAGAGTGGGTGGGAGTGGGAGTGTGCAAGCTGCGGATTAAT 6060
 |||||||
 Db 6001 ATGGCACCACCAAGGTCAGAGTGGGTGGGAGTGGGAGTGTGCAAGCTGCGGATTAAT 6060
 QY 6061 GGTCAATGAGGTATTTAAATCAATGATGTTACAGCGATTAACCAAGGCGATGAGGGCGCA 6120
 |||||||
 Db 6061 GGTCAATGAGGTATTTAAATCAATGATGTTACAGCGATTAACCAAGGCGATGAGGGCGCA 6120
 QY 6121 GTTGTGCAAGTTCATCTT 6141
 |||||||
 Db 6121 GTTGTGCAAGTTCATCTT 6141

RESULT 2
 AX079917 6972 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
 LOCUS Sequence 5 from Patent WO0107619.
 DEFINITION AX079917
 ACCESSION AX079917
 VERSION AX079917.1 GI:13159438
 KEYWORDS
 SOURCE
 ORGANISM
 Moraxella catarrhalis.
 Moraxella catarrhalis.
 Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
 Moraxella.
 REFERENCE
 1 (bases 1 to 6972)

AUTHORS Loosmore, S.M., Sasaki, K., Yang, Y.P. and Klein, M.H.
TITLE Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of
Moraxella
JOURNAL Patent: WO 0107619-A-5 01-FEB-2001;
CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
FEATURES Location/Qualifiers
source 1. 6972
/organism="Moraxella catarrhalis"
/db_xref="taxon:480"
BASE COUNT 2265 a 1555 c 1532 g 1620 t
ORIGIN
Query Match 100.0%; Score 6141; DB 6; Length 6972;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 1 ATGAATCATCTATTAAGTCATCTTTAACAAGCCACAGGCACATTTATGGCAGTGGCA 60
DB 542 ATGAATCATCTATTAAGTCATCTTTAACAAGCCACAGGCACATTTATGGCAGTGGCA 601
QY 61 GAGTACGCCAATCCACAGACAGGGGGGTACTGTCGTACAGGGCAAGTTGGCAGT 120
DB 602 GAGTACGCCAATCCACAGACAGGGGGGTACTGTCGTACAGGGCAAGTTGGCAGT 661
QY 121 GTATGCACTGTAGAGCTTTGCCGTATTCGCCGCTGCTGTCCTGTATGTCGATCGTCAACG 180
DB 662 GTATGCACTGTAGAGCTTTGCCGTATTCGCCGCTGCTGTCCTGTATGTCGATCGTCAACG 721
QY 181 CTCAGTGGCAGTCTTATATGCTCAAAAAAGATACCAACATATGCAATTGGTGAACAA 240
DB 722 CTCAGTGGCAGTCTTATATGCTCAAAAAAGATACCAACATATGCAATTGGTGAACAA 781
QY 241 AACGACCAAGCGCTGACGCACTGCCAAGGGGAGCGGTGATGCGCATTCGCTTTTGT 300
DB 782 AACGACCAAGCGCTGACGCACTGCCAAGGGGAGCGGTGATGCGCATTCGCTTTTGT 841
QY 301 GAAATGCTAAAGCAGCAGGGGGGTCAAGCCATCGGCATCGTATGATTAATAAACTGTC 360
DB 842 GAAATGCTAAAGCAGCAGGGGGGTCAAGCCATCGGCATCGTATGATTAATAAACTGTC 901
QY 361 AATGAGACATTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATGCCATC 420
DB 902 AATGAGACATTTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATGCCATC 961
QY 421 GGTGGTATGTAAGGCTAGTGGTATGCTCGATTCGATCGGATGATGATGATTAAT 480
DB 962 GGTGGTATGTAAGGCTAGTGGTATGCTCGATTCGATCGGATGATGATGATTAAT 1021
QY 481 TTGCTTGATCAGATGTAATCCTAATCCGAAAGGTACTGTGATTAAGCATCTTAT 540
DB 1022 TTGCTTGATCAGATGTAATCCTAATCCGAAAGGTACTGTGATTAAGCATCTTAT 1081
QY 541 AACGGCCATGCAATTTTAAAGAAATACGAAGCTTAAAGATATGATTAATAATATAGA 600
DB 1082 AACGGCCATGCAATTTTAAAGAAATACGAAGCTTAAAGATATGATTAATAATATAGA 1141
QY 601 CGCACAACCGGAGGAGGAGCGGCTAGTCACTGAGTGGAGGCCATGCTATGACATAGG 660
DB 1142 CGCACAACCGGAGGAGGAGCGGCTAGTCACTGAGTGGAGGCCATGCTATGACATAGG 1201
QY 661 CATTTTTCACAGCCCTTTTGTAACAGGGCAACAGCTAAAGGCTTATTCCTTTGGCAGTG 720
DB 1202 CATTTTTCACAGCCCTTTTGTAACAGGGCAACAGCTAAAGGCTTATTCCTTTGGCAGTG 1261
QY 721 GGTCTTGGCGGACAGCGGAGGGCAATCTACATCGCTATTGGTTCTGATGCAACATCT 780
DB 1262 GGTCTTGGCGGACAGCGGAGGGCAATCTACATCGCTATTGGTTCTGATGCAACATCT 1321
QY 781 AGCTGTTGGGAGGATAGCCCTTGGTGAAGTACTCGGCTCACTACAGGGCAGTAT 840
DB 1322 AGCTGTTGGGAGGATAGCCCTTGGTGAAGTACTCGGCTCACTACAGGGCAGTAT 1381
QY 841 GCCCTAGGTCAAGGTTCTGTTGTCACTCAGAGTGATTAATTTAGACCGGCTATACA 900

DB 1382 GCCCTAGGTCAAGGTTCTGTTGTCACTCAGAGTGATTAATTTAGACCGGCTATACA 1441
QY 901 CCAATTACCAGGACACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATACGAAGCGGGTCCA 960
DB 1442 CCAATTACCAGGACACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATACGAAGCGGGTCCA 1501
QY 961 CTTTCATTTGGTATGATCTATCAAGGTAATATCAATATGCTGGTCACTTAT 1020
DB 1502 CTTTCATTTGGTATGATCTATCAAGGTAATATCAATATGCTGGTCACTTAT 1561
QY 1021 AAAACCGATGCGGCTCAATGTGACAGCTAGAACGGGCTGTGAATGGGCTAAGAGCT 1080
DB 1562 AAAACCGATGCGGCTCAATGTGACAGCTAGAACGGGCTGTGAATGGGCTAAGAGCT 1621
QY 1081 AGAATTAATTTTCAAGGTGATGATTAAGCTAGTCACTGATTAATATAGTTTGGATTA 1140
DB 1622 AGAATTAATTTTCAAGGTGATGATTAAGCTAGTCACTGATTAATATAGTTTGGATTA 1681
QY 1141 TTAATATTAAGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1200
DB 1682 TTAATATTAAGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1741
QY 1201 AAAGAGCTGATATAGTGTCTGAAAGTTAACTTGTAACTTTAACTTAACTTAACT 1260
DB 1742 AAAGAGCTGATATAGTGTCTGAAAGTTAACTTGTAACTTAACTTAACTTAACTTAACT 1801
QY 1261 GAGTGAATACATCACTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1320
DB 1802 GAGTGAATACATCACTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1861
QY 1321 ACTACAGCTAATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1380
DB 1862 ACTACAGCTAATTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1921
QY 1381 AGCACAACCAAAACCGCTATGCGCTTATGCGGTGAAAGTTTACTAATATGACAGAAACA 1440
DB 1922 AGCACAACCAAAACCGCTATGCGCTTATGCGGTGAAAGTTTACTAATATGACAGAAACA 1981
QY 1441 ACAGCAGCAATCGGCATCACTGCTATTAACAGAGTAAATTTGGCTTGTGAGATGCT 1500
DB 1982 ACAGCAGCAATCGGCATCACTGCTATTAACAGAGTAAATTTGGCTTGTGAGATGCT 2041
QY 1501 GATGTTGTAAGAAACCAAGCAACCATATTTGATTAATAAACAATTAAGTGGTGTG 1560
DB 2042 GATGTTGTAAGAAACCAAGCAACCATATTTGATTAATAAACAATTAAGTGGTGTG 2101
QY 1561 GCAATTAACCATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1620
DB 2102 GCAATTAACCATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2161
QY 1621 GGTACAGTGTGATACGATGCGGCTTACCATCGACAGCTCAAAAGCCGCAAGCTTCT 1680
DB 2162 GGTACAGTGTGATACGATGCGGCTTACCATCGACAGCTCAAAAGCCGCAAGCTTCT 2221
QY 1681 AACGAGGGGCTGGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1740
DB 2222 AACGAGGGGCTGGCATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2281
QY 1741 AATGTTACCGCCCAACTTACCAATTTGCGGTGAAGAACCCGACCTTAACAGTATGCT 1800
DB 2282 AATGTTACCGCCCAACTTACCAATTTGCGGTGAAGAACCCGACCTTAACAGTATGCT 2341
QY 1801 ACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGTAGTGTACGAACATATGCTTACTTACCGCGAA 1860
DB 2342 ACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGTAGTGTAGAACATATGCTTACTTACCGCGAA 2401
QY 1861 CATTTGGCAAGCTATCTAATGAATGCAATCAAGGGCTGAGAGGCTTACAAAGCTTT 1920
DB 2402 CATTTGGCAAGCTATCTAATGAATGCAATCAAGGGCTGAGAGGCTTACAAAGCTTT 2461
QY 1921 ACCGTTAAAGAGAGAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1980

D	2462	ACCCTTTAAAGAAAGACAGCGTGTATGACGCCAACCGCTATACCGCTGGCTAAAGATACGACA	2521
Q	1981	AAAAATCGCGGCGCACTGACGATCTTAAAACTCAAGGTTAAAAACGGTCTTACGGTTGCT	2040
D	2522	AAAAATGCGCGGCGCACTGACGATCTTAAAACTCAAGGTTAAAAACGGTCTTACGGTTGCT	2581
Q	2041	ACCAAAAAAAGATGCTACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAGATAGCGGCTGACCACTTGGC	2100
D	2582	ACCAAAAAAAGATGCTACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAGATAGCGGCTGACCACTTGGC	2641
Q	2101	AAAAGCACCTTAACCAACGATGCGTTGAAGATACCAACGACCAATCCAAATC	2160
D	2642	AAAAGCACCTTAACCAACGATGCGTTGAAGATACCAACGACCAATCCAAATC	2701
Q	2161	GGTGCCTAATGCGATTAAATTTACTAATGTGAATGTAGTATATCCAGGTACTGGCATTTGCA	2220
D	2702	GGTGCCTAATGCGATTAAATTTACTAATGTGAATGTAGTATATCCAGGTACTGGCATTTGCA	2761
Q	2221	AATACCGCTGCGATTACCGAGATAAAAATGGCTTGGCTGCTGATGTGTGCAAGTTGAT	2280
D	2762	AATACCGCTGCGATTACCGAGATAAAAATGGCTTGGCTGCTGATGTGTGCAAGTTGAT	2821
Q	2281	ACAAACAAACCTTATCTTGATCAAGACAAAGCTACAAAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAAC	2340
D	2822	ACAAACAAACCTTATCTTGATCAAGACAAAGCTACAAAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAAC	2881
Q	2341	ACTGGGATTAAAGCAGGTGGTAAAGCATCACAGGGCTGTGCCCAACAGCGCTAGCATT	2400
D	2882	ACTGGGATTAAAGCAGGTGGTAAAGCATCACAGGGCTGTGCCCAACAGCGCTAGCATT	2941
Q	2401	GCGGATCAAAAGTAGCGGCAACATAGAACTGGGCAATACATCCAAAGCAAAAGCAAAATCC	2460
D	2942	GCGGATCAAAAGTAGCGGCAACATAGAACTGGGCAATACATCCAAAGCAAAAGCAAAATCC	3001
Q	2461	AACGCGCCAGCATTTAC	2520
D	3002	AACGCGCCAGCATTTAC	3061
Q	2521	CCCATTTGACTTTGCTCCACTTATGACATTTGTGACTTTTCCCAATGGCAATGGCACACCC	2580
D	3062	CCCATTTGACTTTGCTCCACTTATGACATTTGTGACTTTTCCCAATGGCAATGGCACACCC	3121
Q	2581	GCCACAGTAAACCATATATACCGCTAAACAAACAGGTAATGATGTGAATGTG	2640
D	3122	GCCACAGTAAACCATATATACCGCTAAACAAACAGGTAATGATGTGAATGTG	3181
Q	2641	GATGATACAAACCTTATATCTTAACAGGCACTGATGACATATAAAAACTTGGCGCTCAAAACC	2700
D	3182	GATGATACAAACCTTATATCTTAACAGGCACTGATGACATATAAAACTTGGCGCTCAAAACC	3241
Q	2701	ACCAAACTGAACAAACAGTGTATATGTAATACAGCACTAATCTTAAATGTTAACTCT	2760
D	3242	ACCAAACTGAACAAACAGTGTATATGTAATACAGCACTAATCTTAAATGTTAACTCT	3301
Q	2761	AGTGAATGAAGATGCGCTTGTAAACGCCAAAGACATGCGGAAATCTAAACACCCCTTAGCC	2820
D	3302	AGTGAATGAAGATGCGCTTGTAAACGCCAAAGACATGCGGAAATCTAAACACCCCTTAGCC	3361
Q	2821	AAGGAATTCACACCAACGAAGGACAGACAGCACCGGCTTACAAACCTTACCGTTAAA	2880
D	3362	AAGGAATTCACACCAACGAAGGACAGACAGCACCGGCTTACAAACCTTACCGTTAAA	3421
Q	2881	AAGGTGATGATAAATTAATATGCTGATGACGCCACAGCGCATCACCGTGGGTCAAAAGAAC	2940
D	3422	AAGGTGATGATAAATTAATATGCTGATGACGCCACAGCGCATCACCGTGGGTCAAAAGAAC	3481
Q	2941	GCAAAATATCAAGTCAACACCGCTAACACTCAAAAGGTGAAAAAGGCTTAAATATTTAAAC	3000
D	3482	GCAAAATATCAAGTCAACACCGCTAACACTCAAAAGGTGAAAAAGGCTTAAATATTTAAAC	3541
Q	3001	GACAAAAATGCTACGGTTACTTTGGCATTTAACACCAAGCGGCTTTAAAGCCGGCAAA	3060
D	3542	GACAAAAATGCTACGGTTACTTTGGCATTTAACACCAAGCGGCTTTAAAGCCGGCAAA	3601

4141 GGGGCAAGCCAAAGCAAGCAACTGACGAGCTATGTGATGCTGATGGAATTAAGTCAATC 4200
 4682 GGGGCAAGCCAAAGCAAGCAACTGACGAGCTATGTGATGCTGATGGAATTAAGTCAATC 4741
 4201 TATGACAGTACCGATTAACAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGACAGTGTGATAAAC 4260
 4742 TATGACAGTACCGATTAACAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGACAGTGTGATAAAC 4801
 4261 AAGAGAGTGGCCAAAGCAAGCAACTGAGTGGCCCAAGCCCAAGCCCAAGTGGCAT 4320
 4802 AAGAGAGTGGCCAAAGCAAGCAACTGAGTGGCCCAAGCCCAAGCCCAAGTGGCAT 4861
 4321 CAATGAAATGCAATCACTATTAACAAGAAAGAAAGTAAATGATGCAATTAAGAAAGCA 4380
 4862 CAATGAAATGCAATCACTATTAACAAGAAAGAAAGTAAATGATGCAATTAAGAAAGCA 4921
 4381 GGCATCAATGAAGACACGCTTTGTTAAAGACCTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATAACAA 4440
 4922 GGCATCAATGAAGACACGCTTTGTTAAAGACCTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATAACAA 4981
 4441 ACCAAAAGCCGCGAGTACTGTGGGTGATTAATGCGGTGGCCCAAGCCGCTGAGC 4500
 4982 ACCAAAAGCCGCGAGTACTGTGGGTGATTAATGCGGTGGCCCAAGCCGCTGAGC 5041
 4501 TTTGCAAGGGATACAGGCAACAGGCTAAAGAACTGGCGAGACTTTGACCAATCAAGGT 4560
 5042 TTTGCAAGGGATACAGGCAACAGGCTAAAGAACTGGCGAGACTTTGACCAATCAAGGT 5101
 4561 GGGCAACACAGACACCAATTAAGTAAACGATTAATTAACATGCTGTGTAGCAGTACTGAT 4620
 5102 GGGCAACACAGACACCAATTAAGTAAACGATTAATTAACATGCTGTGTAGCAGTACTGAT 5161
 4621 GGCTTCACGTCAAACTGTCGCAAGACCTAACCAATCTTAACAGGCTTAATGAGGTGAC 4680
 5162 GGCTTCACGTCAAACTGTCGCAAGACCTAACCAATCTTAACAGGCTTAATGAGGTGAC 5221
 4681 ACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGGCGTCAAGCCAAAGCAAC 4740
 5222 ACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGGCGTCAAGCCAAAGCAAC 5281
 4741 ACCCTGTGCTTAAGTCCCAATGGCTGACCTGGGTGCGAAGGTCTACGTAATGTGGGC 4800
 5282 ACCCTGTGCTTAAGTCCCAATGGCTGACCTGGGTGCGAAGGTCTACGTAATGTGGGC 5341
 4801 AAGGAGCAAAAGATACGACGCTGCAATGACCAACGTTAAAGCAAGTACGCAACTG 4860
 5342 AAGGAGCAAAAGATACGACGCTGCAATGACCAACGTTAAAGCAAGTACGCAACTG 5401
 4861 TTGGGCTCTTGTAAATGCTGTAATGATTAACGCTGACGCAATCAGGTAATGCGGAC 4920
 5402 TTGGGCTCTTGTAAATGCTGTAATGATTAACGCTGACGCAATCAGGTAATGCGGAC 5461
 4921 ATCAAAAAGGACCCAAATTCAGGTTTCATCATCAACCCGCTGTCATCAAAAGCAGGACG 4980
 5462 ATCAAAAAGGACCCAAATTCAGGTTTCATCATCAACCCGCTGTCATCAAAAGCAGGACG 5521
 4981 GACTTGGGGGTAAGGATTAACGATACGCAAAAGCTGGCCACCTGGGTGATTAACAGG 5040
 5522 GACTTGGGGGTAAGGATTAACGATTAACGCAAAAGCTGGCCACCTGGGTGATTAACAGG 5581
 5041 GGCATGATTAAGAGCGGCAAGCTTAACGCGGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAAGCCAA 5100
 5582 GGCATGATTAAGAGCGGCAAGCTTAACGCGGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAAGCCAA 5641
 5101 AAGATGCGCAGCAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATTAACGCGCAGGTGACCAACTAT 5160
 5642 AAGATGCGCAGCAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATTAACGCGCAGGTGACCAACTAT 5701
 5161 TTGACCAACAAAGCCGCAAGCAATGACCAATTAAGCAATGATTCGGCTTCTTC 5220
 5702 TTGACCAACAAAGCCGCAAGCAATGACCAATTAAGCAATGATTCGGCTTCTTC 5761
 5221 CATGTCAAGATGGAATCAAGAGCCTGTGTGTAACAAGGCGTAAGCGCATGACTCAAGT 5280

5762 CATGTCAAGATGCGCAATCAAGAGCCTGTGTATCAAGGCGGTACGCAATTAAGTCAAT 5821
 5281 GCCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGGTTTCCAGGCCAAGGCGAGTGTGAAGCGCC 5340
 5822 GCCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGGTTTCCAGGCCAAGGCGAGTGTGAAGCGCC 5881
 5341 GTTGCCATGAGGCAAGCAAGCCCAAGGCAAGCAATCCATGCGCTATGATTAACGCA 5400
 5882 GTTGCCATGAGGCAAGCAAGCCCAAGGCAAGCAATCCATGCGCTATGATTAACGCA 5941
 5401 CAAGCCAGGCGGATCAATCACTGCGCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGGTAGACAC 5460
 5942 CAAGCCAGGCGGATCAATCACTGCGCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGGTAGACAC 6001
 5461 TCTGTGCGCATGCGGCAAGCCCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGGTAAAT 5520
 6002 TCTGTGCGCATGCGGCAAGCCCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGGTAAAT 6061
 5521 AACCAACAGTTTACGATGCGCACTCAACCGAATGCTTGTGGTGGCAATTAACATCAC 5580
 6062 AACCAACAGTTTACGATGCGCACTCAACCGAATGCTTGTGGTGGCAATTAACATCAC 6121
 5581 GTGACCGAAAGTAACTCGGTTGCTTGAAGTTCAAACTGCGCATCAGTGCAGGCAACAC 5640
 6122 GTGACCGAAAGTAACTCGGTTGCTTGAAGTTCAAACTGCGCATCAGTGCAGGCAACAC 6181
 5641 GCAAGGCAACAGCCAAATTTGACGCGCACAGCGATTAACCAACCAACAGAGTGTGA 5700
 6182 GCAAGGCAACAGCCAAATTTGACGCGCACAGCGATTAACCAACCAACAGAGTGTGA 6241
 5701 ACCGCTACGCTTAAAGGCTTGTGTGACAAAGGCGGCTGTGGCGGTTCGCGGTGGCC 5760
 6242 ACCGCTACGCTTAAAGGCTTGTGTGACAAAGGCGGCTGTGGCGGTTCGCGGTGGCC 6301
 5761 TCAGGTGCTGAACGCGCTATCCCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTCAAGTCCACACAC 5820
 6302 TCAGGTGCTGAACGCGCTATCCCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTCAAGTCCACACAC 6361
 5821 GATGCGGTAATGTAGGCAAGTGTGACAAAGCCCAAGCAATGCTCCCAAGCAACCAAT 5880
 6362 GATGCGGTAATGTAGGCAAGTGTGACAAAGCCCAAGCAATGCTCCCAAGCAACCAAT 6421
 5881 GAGCTTGACCATGCTATCCACCAAGCAAAATTAAGGCCAATGACAGGATTCATCAGG 5940
 6422 GAGCTTGACCATGCTATCCACCAAGCAAAATTAAGGCCAATGACAGGATTCATCAGG 6481
 5941 ATGGCAGATGGCGTCACTGACCAAGCCTCATTTCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGT 6000
 6482 ATGGCAGATGGCGTCACTGACCAAGCCTCATTTCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGT 6541
 6001 ATTTGCCACCAACGCGTCAAGGCTGGGTGGGAGTGGGACTGTGCAAGCTGTGCGATAAT 6060
 6542 ATTTGCCACCAACGCGTCAAGGCTGGGTGGGAGTGGGACTGTGCAAGCTGTGCGATAAT 6601
 6061 GGTCAATGGGTATTTAAATCAATGCTGACGCGATTAACCAAGGCCATGATGAGGGGCGCA 6120
 6602 GGTCAATGGGTATTTAAATCAATGCTGACGCGATTAACCAAGGCCATGATGAGGGGCGCA 6661
 6121 GTTGTGTCAGGTTTTCACCTTT 6141
 6662 GTTGTGTCAGGTTTTCACCTTT 6682

RESULT 3
 AR040716
 LOCUS AR040716 6973 bp DNA linear PAT 29-SEP-1999
 DEFINITION Sequence 1 from patent US 5808024.
 ACCESSION AR040716
 VERSION AR040716.1 GI:5960079
 KEYWORDS
 SOURCE Unknown.
 ORGANISM Unknown.

Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 6973)
AUTHORS Sasaki,K., Harkness,R.E., Loosmore,S.M. and Klein,M.H.
TITLE Nucleic acids encoding high molecular weight major outer membrane
JOURNAL Protein of moraxella
Patent: US 5808024-A 1 15-SEP-1998;
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..6973
BASE COUNT 2265 a 1555 c 1533 g 1620 t
ORIGIN
Query Match 99.8%; Score 6130; DB 6; Length 6973;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1:
QY 1 ATGATTCATCTATTAAGTCTATTAAACAAGCCACAGCAGCATTTATGCACTGCGCA 60
DB 542 ATGAATCCATCTATTAAGTCTATTAAACAAGCCACAGCAGCATTTATGCACTGCGCA 601
QY 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGC-GGGGGGGGTAGCTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAG 119
DB 602 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCAGGGGGGGGGTAGCTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAG 661
QY 120 TGTATGCACTGTGAGCTTTGCCCCGATTTGCGCGCTGCTGTCTGTGATCGTGCAAC 179
DB 662 TGTATGCACTGTGAGCTTTGCCCCGATTTGCGCGCTGCTGTCTGTGATCGTGCAAC 721
QY 180 GCTGAGTGGAGTGGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCGCAATTTGGTGAACA 239
DB 722 GCTGAGTGGAGTGGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCGCAATTTGGTGAACA 781
QY 240 AAACAGCCAGACAGCTCAGGCACTGCCAAGGCGAGCGGTGATCGAGCCATTTGATTGG 299
DB 782 AAACAGCCAGACAGCTCAGGCACTGCCAAGGCGAGCGGTGATCGAGCCATTTGATTGG 841
QY 300 TGAATAATCTAAGCAGCAGGGGGGTCAAGCCATCGCCATCGGTACTAGTAAATAACTGT 359
DB 842 TGAATAATCTAAGCAGCAGGGGGGTCAAGCCATCGCCATCGGTACTAGTAAATAACTGT 901
QY 360 CAATGGAAGCATTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGATCGCATCGCCAT 419
DB 902 CAATGGAAGCATTTGGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGATCGCATCGCCAT 961
QY 420 CGGTGTGATGTAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTGCCATCGGTAGTGTGATGATGATGCA 479
DB 962 CGGTGTGATGTAAGGCTAGTGTGATGCTCGATTGCCATCGGTAGTGTGATGATGATGCA 1021
QY 480 TTTCCTTGATCAGCATGTTAAATCCAAACATCCGAAAGTACTCTGATTAAGATCTTAT 539
DB 1022 TTTCCTTGATCAGCATGTTAAATCCAAACATCCGAAAGTACTCTGATTAAGATCTTAT 1081
QY 540 TAAAGGCCATCAGTATTAAAGAAATACGAAGCTCAAGGATTAATGATGTAATAATATAG 599
DB 1082 TAAAGGCCATCAGTATTAAAGAAATACGAAGCTCAAGGATTAATGATGTAATAATATAG 1141
QY 600 ACGCACAACCCCAAGCGGACACGCCAGTACTGAGTGGAGCCATGTCATATGACACAGG 659
DB 1142 ACGCACAACCCCAAGCGGACACGCCAGTACTGAGTGGAGCCATGTCATATGACACAGG 1201
QY 660 TCAATTTTTCGAAGCGCTTTGTTACACGGGCAACAGCTAAAGTGGCTATTCCTTGGCAGT 719
DB 1202 TCAATTTTTCGAAGCGCTTTGTTACACGGGCAACAGCTAAAGTGGCTATTCCTTGGCAGT 1261
QY 720 GGGTCTTGGCCCAAGCGGACCAATTCACATCGCTATTGTTGATGCAACATC 779
DB 1262 GGGTCTTGGCCCAAGCGGACCAATTCACATCGCTATTGTTGATGCAACATC 1321
QY 780 TAGTCTGTTGGAGCAGATAGCCCTTGGTGAAGTACTGCTCAGCTACAGGGCAGAT 839
DB 1322 TAGTCTGTTGGAGCAGATAGCCCTTGGTGAAGTACTGCTCAGCTACAGGGCAGAT 1381
QY 840 TGCCCTTAGGTCAAGGTTCTGTGTACCTACAGATGATTAATTTCTAGACCGGCTATAC 899

DB 1382 TGCCCTTAGGTCAAGGTTCTGTGTACCTACAGATGATTAATTTCTAGACCGGCTATAC 1441
QY 900 ACCAAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATAATAGCAAGCGGCTCC 959
DB 1442 ACCAAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATAATAGCAAGCGGCTCC 1501
QY 960 ACTTTCATTTGTTAGTAACTCTATCAACAGTAAATCATCATGTGCGGTGCTTAA 1019
DB 1502 ACTTTCATTTGTTAGTAACTCTATCAACAGTAAATCATCATGTGCGGTGCTTAA 1561
QY 1020 TAAACCCGATGCGTCAATGTGGCAGACAGTGAAGCGGTGGTGAAGTGGCTAAAGACG 1079
DB 1562 TAAACCCGATGCGTCAATGTGGCAGACAGTGAAGCGGTGGTGAAGTGGCTAAAGACG 1621
QY 1080 TAGAATTTACTTTTCAAGGCTGATGATTAACAGTACTGAGCTAAATAATAGTTGGATATAC 1139
DB 1622 TAGAATTTACTTTTCAAGGCTGATGATTAACAGTACTGAGCTAAATAATAGTTGGATATAC 1681
QY 1140 TTTTACTATTTAAGGTGGGAGAGACCAAGCATTAACCGATTAATATTCGGTGGT 1199
DB 1682 TTTTACTATTTAAGGTGGTGGAGAGACCAAGCATTAACCGATTAATATTCGGTGGT 1741
QY 1200 AAAAGAGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGCTAAACTTTAAACAATCTTAC 1259
DB 1742 AAAAGAGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGCTAAACTTTAAACAATCTTAC 1801
QY 1260 TGAGTGAATACACTACATTAATAGCCACAACACAGTTAAGGTAGTACTAGTATAG 1319
DB 1802 TGAGTGAATACACTACATTAATAGCCACAACACAGTTAAGGTAGTACTAGTATAG 1861
QY 1320 TACTACAGCTGAATATTAGTATGATGATTTAACTTTCCAGCCCATACAGGAGTCA 1379
DB 1862 TACTACAGCTGAATATTAGTATGATGATTTAACTTTCCAGCCCATACAGGAGTCA 1921
QY 1380 AAGCACAAGCAAAACCGTCTATGCGTTAATGGGTGAAGTTTACTAATAATGAGAAAC 1439
DB 1922 AAGCACAAGCAAAACCGTCTATGCGTTAATGGGTGAAGTTTACTAATAATGAGAAAC 1981
QY 1440 AACGACAGCATGGGCACTACTCGTATTAACGAGATTAATGGCTTGGTCCAGATAG 1499
DB 1982 AACGACAGCATGGGCACTACTCGTATTAACGAGATTAATGGCTTGGTCCAGATAG 2041
QY 1500 TGATGTTGATGAAAAAACAAGCACCATATTTGGATAAAAAACAACCTTAAAGTGGGTAGTGT 1559
DB 2042 TGATGTTGATGAAAAAACAAGCACCATATTTGGATAAAAAACAACCTTAAAGTGGGTAGTGT 2101
QY 1560 TGCAATTTACATTAACATGTCATTTGATGAGGTAAATAAAGATCAGTAATCTTGGCAA 1619
DB 2102 TGCAATTTACATTAACATGTCATTTGATGAGGTAAATAAAGATCAGTAATCTTGGCAA 2161
QY 1620 AGGTAGCAGTCTAAGATGGGGTTTACCATGGAACAGTCAACCGGCAAGCCTACTTT 1679
DB 2162 AGGTAGCAGTCTAAGATGGGGTTTACCATGGAACAGTCAACCGGCAAGCCTACTTT 2221
QY 1680 AAACGAGCGCTGGCATCAGTGTACACACTACTGAAATATCAGTTGATGCTAAGAGTGG 1739
DB 2222 AAACGAGCGCTGGCATCAGTGTACACACTACTGAAATATCAGTTGATGCTAAGAGTGG 2281
QY 1740 CAATGTTACCGCCCAACTTACAAATTTGGCGTAAAAACACGAGCTTAACTAGTATGG 1799
DB 2282 CAATGTTACCGCCCAACTTACAAATTTGGCGTAAAAACACGAGCTTAACTAGTATGG 2341
QY 1800 CACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGAGTGGTACGAACATAGCTAGTTACCGGCGA 1859
DB 2342 CACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGAGTGGTACGAACATAGCTAGTTACCGGCGA 2401
QY 1860 ACATTTGGCAAGCTATTAATGAAGTCAATCGAAGCGGTGACAGTGTCTACAAACCTT 1919
DB 2402 ACATTTGGCAAGCTATTAATGAAGTCAATCGAAGCGGTGACAGTGTCTACAAACCTT 2461
QY 1920 TACCGTTAAGAGAAACAGATGATGACGCCAAGCTATACCGTGGCTAAAGATACGAC 1979

Db	2462	TACGTTAAAGAAAGACGATATATACGCCCAACGCTATCCCGTGGCTAAAGATACGAC	2521
Qy	1980	AAAAATGCGGGCGGCGAGCTCAGCTCTTAAAACTCAAAGGTAAAAAGCGTTACGGTTGC	2039
Db	2532	AAAAATGCGGGCGGCGAGCTCAGCTCTTAAAACTCAAAGGTAAAAAGCGTTACGGTTGC	2581
Qy	2040	TACCAAAAAGATGTGTACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAGATACCGGTCTGACCATTGG	2099
Db	2582	TACCAAAAAGATGTGTACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAGATACCGGTCTGACCATTGG	2641
Qy	2100	CAAAAGCACCCTTAACACAGATGGCTTGACTGTTAAAGTACCACAGAAACAATCCAACT	2159
Db	2642	CAAAAGCACCCTTAACACAGATGGCTTGACTGTTAAAGTACCACAGAAACAATCCAACT	2701
Qy	2160	CGGTGCTAATGGCATTTAAATTTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAGGTACTGGCATTCG	2219
Db	2702	CGGTGCTAATGGCATTTAAATTTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAGGTACTGGCATTCG	2761
Qy	2220	AAATACCGCTTCGCTATTACGAGATATAAATTGGCTTTGCTGTTGTGATGTGCAGTTGA	2279
Db	2762	AAATACCGCTTCGCTATTACGAGATATAAATTGGCTTTGCTGTTGTGATGTGCAGTTGA	2821
Qy	2280	TACAAACAAACCTTAATCTTATATCAACAAGCTACAGGTGGCATGTGAAGATTACCA	2339
Db	2822	TACAAACAAACCTTAATCTTATATCAACAAGCTACAGGTGGCATGTGAAGATTACCA	2881
Qy	2340	CACGTGCATTAAACGAGTGGTAAAGCCATCAAGGGCTGTCCCAACACTGCGTAGCAT	2399
Db	2882	CACGTGCATTAAACGAGTGGTAAAGCCATCAAGGGCTGTCCCAACACTGCGTAGCAT	2941
Qy	2400	TGCGGATCAAAAGTAGCCGCAACATAGAACTGGGCAATACATCCAAACAAAGACAATC	2459
Db	2942	TGCGGATCAAAAGTAGCCGCAACATAGAACTGGGCAATACATCCAAACAAAGACAATC	3001
Qy	2460	CAACGCTGCAGAGATTAAATGATATATTAAATACAGCTTAACTCAAAAATTAATAAACA	2519
Db	3002	CAACGCTGCAGAGATTAAATGATATATTAAATACAGCTTAACTCAAAAATTAATAAACA	3061
Qy	2520	CCCCATTGACTTTGTCTCACCCTATGACATTTGTGACTTTGGCAATGGCAATGCCACAC	2579
Db	3062	CCCCATTGACTTTGTCTCACCCTATGACATTTGTGACTTTGGCAATGGCAATGCCACAC	3121
Qy	2580	CGCCACAGTAACCCATGATATACCGCTAACAAACCAAGTAAGTGTATGATGTGAATGT	2639
Db	3122	CGCCACAGTAACCCATGATATACCGCTAACAAACCAAGTAAGTGTATGATGTGAATGT	3181
Qy	2640	GGAATGATACACCACTTCATCTTAACAGGCACTGTATGACATTAATAAACTTGGCTCAAAAC	2699
Db	3182	GGAATGATACACCACTTCATCTTAACAGGCACTGTATGACATTAATAAACTTGGCTCAAAAC	3241
Qy	2700	CACCAAACTCAACAAAACAAGTGTCTAATGTATACAGAACTTAACCTTAATGTTAACTC	2759
Db	3242	CACCAAACTCAACAAAACAAGTGTCTAATGTATACAGAACTTAACCTTAATGTTAACTC	3301
Qy	2760	TAGTGAATGAAGATGCCCTTGTTTAAAGGCCAAAGACATGCCGAAATCTTAAACACCTTAGC	2819
Db	3302	TAGTGAATGAAGATGCCCTTGTTTAAAGGCCAAAGACATGCCGAAATCTTAAACACCTTAGC	3361
Qy	2820	CAAGGAATTCACACCAACCAAGGACACAGACACACCGGCTTACAACTTTACCGTTAA	2879
Db	3362	CAAGGAATTCACACCAACCAAGGACACAGACACACCGGCTTACAACTTTACCGTTAA	3421
Qy	2880	AAAGGTGATGAATAATTAATATGCTGATGACGCCCAACGCGATCACCGTGGGTCAAAAGAA	2939
Db	3422	AAAGGTGATGAATAATTAATATGCTGATGACGCCCAACGCGATCACCGTGGGTCAAAAGAA	3481
Qy	2940	CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTTAACACTCAAAGGTGAAAAGGCTTTAATATTAAAC	2999
Db	3482	CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTTAACACTCAAAGGTGAAAAGGCTTTAATATTAAAC	3541
Qy	3000	CGACAAAATATGTATCGGTTACCTTTGGCATTTAACACACACAGCGGCTTTAAAGCGCGCA	3059
Db	3542	CGACAAAATATGTATCGGTTACCTTTGGCATTTAACACACACAGCGGCTTTAAAGCGCGCA	3601

QY	3060	AACACACCCCTAAACGACGGGTGGCTTGCTATTAAAAACCCCACTGGTACGACAAACAATCCA	3119
Db	3602	AAGCACCCCTAAACGACGGGTGGCTTGCTATTAAAAACCCCACTGGTACGACAAACAATCCA	3661
QY	3120	ACTCGGTGCTGATGGCGGTGAAGTTTGGCCAAAGCTATATAATAGTGGTGTGAGTGCCTG	3179
Db	3662	AATCGGTGCTGATGGCGGTGAAGTTTGGCCAAAGTATATAATAGTGGTGTGAGTGCCTG	3721
QY	3180	CATTGATGGCACACTCGCATTTACGAGAGTGAATTTGGCTTTACTGGACTAATGCTC	3239
Db	3722	CATTGATGGCACACTCGCATTTACGAGAGTGAATTTGGCTTTACTGGACTAATGCTC	3781
QY	3240	ACTTGATAAAAACAACCCCACTTAGACAAGAAGCGGCATTTAAACGAGGGGTAAAAAGAT	3299
Db	3782	ACTTGATAAAAACAACCCCACTTAGACAAGAAGCGGCATTTAAACGAGGGGTAAAAAGAT	3841
QY	3300	TACCAACATTTCAATCAGGTGAGATTGGCCCAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGGGGGCA	3359
Db	3842	TACCAACATTTCAATCAGGTGAGATTGGCCCAAAACAGCCATGATGCTGTGACAGGGGGCA	3901
QY	3360	GATTATATGATTTAAAAACCGAATTTGAAAAACAATAATCAACAGTACTGGCAAAACAGCA	3419
Db	3902	GATTATATGATTTAAAAACCGAATTTGAAAAACAATAATCAACAGTACTGGCAAAACAGCA	3961
QY	3420	AAACTCATTTACAGCAATTTCTCAGTAGAGATCAACAAGGTAAATACTTTACGGTTAGTA	3479
Db	3962	AAACCATTTACAGCAATTTCTCAGTAGAGATCAACAAGGTAAATACTTTACGGTTAGTA	4021
QY	3480	CCCTTACTCAGATTATGACACCTCAAAAGACCTCTGATGTCAATCACCTTTGCGAGTGA	3539
Db	4022	CCCTTACTCAGATTATGACACCTCTCAAAAGACCTCTGATGTCAATCACCTTTGCGAGTGA	4081
QY	3540	CGGCAATTCACCAAGGTAAATAAAGGTGGTGGTGGGCAATTTGACCAAAACCAAAAG	3599
Db	4082	CGGCAATTCACCAAGGTAAATAAAGGTGGTGGTGGGCAATTTGACCAAAACCAAAAG	4141
QY	3600	CTTAAACAACGCCCTAAGCTGACCGGTGGTAATTAATATGGCAAAAGGCATTGTCAATTGACAG	3659
Db	4142	CTTAAACAACGCCCTAAGCTGACCGGTGGTAATTAATATGGCAAAAGGCATTGTCAATTGACAG	4201
QY	3660	CCAAATATGTCAAATTAACCATATACAGAGCTAAGCAACAACCTCTAGCTAATGTTACCAATGA	3719
Db	4202	CCAAATATGTCAAATTAACCATATACAGAGCTAAGCAACAACCTCTAGCTAATGTTACCAATGA	4261
QY	3720	TAAAGGTAGCGCTACACACACAGAGGCAATTAATCAAAAGACGAAGCAAAACCCG	3779
Db	4262	TAAAGGTAGCGCTACACACACAGAGGCAATTAATCAAAAGACGAAGCAAAACCCG	4321
QY	3780	TGCGCCGACGATTTGTTGATGTGCTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAAAGCATGGTGAAGC	3839
Db	4322	TGCGCCGACGATTTGTTGATGTGCTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAAAGCATGGTGAAGC	4381
QY	3840	GGTTGACATTTGCTCCACTTATGACACGTCACATTTGGCCGATGGCAATGGCCACACGCG	3899
Db	4382	GGTTGACATTTGCTCCACTTATGACACGTCACATTTGGCCGATGGCAATGGCCACACGCG	4441
QY	3900	TAAAGTGACCTATGATGACACACAAGCAAAACCGTAAGTGCTATGATGTCATATGTGA	3959
Db	4442	TAAAGTGACCTATGATGACACACAAGCAAAACCGTAAGTGCTATGATGTCATATGTGA	4501
QY	3960	TGATCAACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAATTGGCGTAAAAACCAACCACTTAGACAG	4019
Db	4502	TGATCAACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAATTGGCGTAAAAACCAACCACTTAGACAG	4561
QY	4020	TACTGGCACAGTGCCTAATAATTTGGCCCTAAGCAATCAAGCTACTGGCGATGCGCTTGT	4079
Db	4562	TACTGGCACAGTGCCTAATAATTTGGCCCTAAGCAATCAAGCTACTGGCGATGCGCTTGT	4621
QY	4080	CAGGCGACGTATATTCGTTGCTACTAATAACACTTATATCTGGCGCATTCGAACTGGCAA	4139
Db	4622	CAGGCGACGTATATTCGTTGCTACTAATAACACTTATATCTGGCGCATTCGAACTGGCAA	4681

QY	4140	AGGGGCAAGCCACACCAACAACACTAGCAGCGCTATGTGGATGCTGTATGGCAATTAAGTCTAT	4199
Db	4682	AGGGGCAAGCCACCAACGGAACAACCTAGCAGCGCTATGTGGATGCTGTATGGCAATTAAGTCTAT	4741
QY	4200	CTATGACAGTACCCATTAACAAGTACTATCAAGGCCAAAATGATGGCAGTGTGATTAATAC	4259
Db	4742	CTATGACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGGCCAAAATGATGGCAGTGTGATTAATAC	4801
QY	4260	CAAGAAGTGGCCAAACACAACACTGGTCCCAAGCCCAACCCAGATGGCACAATTGGC	4319
Db	4802	CAAGAAGTGGCCCAAAACACAACCTGGTCCCAAGCCCAACCCAGATGGCACAATTGGC	4861
QY	4320	TCAAAATGAATGTCAAAATCAGTCAATTAACAAGAACAAGTAAATGATGCGCAATTAAGACA	4379
Db	4862	TCAAAATGAATGTCAAAATCAGTCAATTAACAAGAACAAGTAAATGATGCGCAATTAAGACA	4921
QY	4380	AGGCATCATGAGAGACACACCGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAAGCCGCTTGTGATTAACA	4439
Db	4922	AGGCATCATGAAGAGACACACCGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAAGCCGCTTGTGATTAACA	4981
QY	4440	AACCAAAAAGCCGCGAGTAACTGTGGGTGATTTAAATGCGGTTGCCAAACACCGCGTAC	4499
Db	4982	AACCAAAAAGCCGCGAGTAACTGTGGGTGATTTAAATGCGGTTGCCAAACACCGCGTAC	5041
QY	4500	CTTTGCAAGGGGATPACAGGCACAACGCGTAAAAAACTGGGAGACTTTGACATCAAAAG	4559
Db	5042	CTTTGCAAGGGGATPACAGGCACAACGCGTAAAAAACTGGGAGACTTTGACATCAAAAG	5101
QY	4560	TGGGCAAAACGACACCACTAATTAAGTAAACCCGATTAATATGCGGTGGTACAGGTACTGA	4619
Db	5102	TGGGCAAAACGACACCACTAATTAAGTAAACCCGATTAATATGCGGTGGTACAGGTACTGA	5161
QY	4620	TGGCTTCACTGTCAAACTTGCCCAAAAGACTTAACCAATCTTAAACAGCGTTAATGAGGTGG	4679
Db	5162	TGGCTTCACTGTCAAACTTGCCCAAAAGACTTAACCAATCTTAAACAGCGTTAATGAGGTGG	5221
QY	4680	CACCAAAATTGATGACAAAGAGCGCGTCTTTGTAAGTACTAAGCGCTCAACGCCAAGGAAA	4739
Db	5222	CACCAAAATTGATGACAAAGAGCGCGTCTTTGTAAGTACTAAGCGCTCAACGCCAAGGAAA	5281
QY	4740	CACCCCTGTGCTTAAGTGCCAATGGGCTGGAACCTGGGTGGCAAGGCTCATGTAATGTGGG	4799
Db	5282	CACCCCTGTGCTTAAGTGCCAATGGGCTGGAACCTGGGTGGCAAGGCTCATGTAATGTGGG	5341
QY	4800	CAAGGCGACAAAAGATPACGAGCGCCTGCCAATGTACACAACATTTAAAGCAAGTACGCAACTT	4859
Db	5342	CAAGGCGACAAAAGATPACGAGCGCCTGCCAATGTACACAACATTTAAAGCAAGTACGCAACTT	5401
QY	4860	GTTGGGCTTGTGTAATGCTGGTAAATGATAACGCTGAGCGCAATPACAGGTAACATTGGCGA	4919
Db	5402	GTTGGGCTTGTGTAATGCTGGTAAATGATAACGCTGAGCGCAATPACAGGTAACATTGGCGA	5461
QY	4920	CATCAAAAAAGACCCAAATTCAGGTTCAATCATCTAAACCGCACTGTCAATCAAAAGCAGGCAC	4979
Db	5462	CATCAAAAAAGACCCAAATTCAGGTTCAATCATCTAAACCGCACTGTCAATCAAAAGCAGGCAC	5521
QY	4980	GGTACTTTGGCGGTAAGGTAATPACATTAACCGAAAACTTCCACATGTCGTATACAACT	5039
Db	5522	GGTACTTTGGCGGTAAGGTAATPACATTAACCGAAAACTTCCACATGTCGTATACAACT	5581
QY	5040	GGGCGGTGATTAAGAGCGGCAAGCGCTTAACGGCGATTTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCA	5099
Db	5582	GGGCGGTGATTAAGAGCGGCAAGCGCTTAACGGCGATTTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCA	5641
QY	5100	AAAAAGTGGCAGCAAAAAAAGCCCTGTCGCCACTTTAAACGCCGCAAGGTACAGCAACTA	5159
Db	5642	AAAAAGTGGCAGCAAAAAAAGCCCTGTCGCCACTTTAAACGCCGCAAGGTACAGCAACTA	5701
QY	5160	TTTGGACAACAACCCCGCAGAAGCCATTGACAGATAAATTAAGAACAGAGTATCCGCTCTT	5219
Db	5702	TTTGGACAACAACCCCGCAGAAGCCATTGACAGATAAATTAAGAACAGAGTATCCGCTCTT	5761
QY	5220	CCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGGTACAAAGGCGTAAACGCAATTGACTCAAG	5279

Db	5762	CCATGTCACGAATGGGCATCAAGAGCCTGTGGTACAAAGGCGTAACGGCATTCATCAAG	5821
QY	5280	TGACCTAGGCAACCACTCAATGGCGATAGGTTTCCAGAGCCCAAGGCAAGATGTGTAAACCGC	5339
Db	5822	TGCTCTAGGCAACCACTCAATGGCGATAGGTTTCCAGAGCCCAAGGCAAGATGTGTAAACCGC	5881
QY	5340	CGTTGGCCATAGGCAAGCAAAACCAAGCAGGCAACCAATCATCGCCATCGGTGTATACCG	5399
Db	5882	CGTTGGCCATAGGCAAGCAAAACCAAGCAGGCAACCAATCATCGCCATCGGTGTATACCG	5941
QY	5400	ACAAAGCCAGGGGGATCAATCCATGCCCATCCGTTACAGGCAATGTGTGTAGCAGGTAAACA	5459
Db	5942	ACAAAGCCAGGGGGATCAATCCATGCCCATCCGTTACAGGCAATGTGTGTAGCAGGTAAACA	6001
QY	5460	CTCTGGTGCATATGGGACCCCAAGCAAGCACTGTTAAGGCTGTATTAACAGTTAGTGGGTAA	5519
Db	6002	CTCTGGTGCATATGGGACCCCAAGCAAGCACTGTTAAGGCTGTATTAACAGTTAGTGGGTAA	6061
QY	5520	TAAACACCAAGTTTACCGGATGCCACTCAAAACCAATGCTCTTTGGTGTGGCAATTAACATCAC	5579
Db	6062	TAAACACCAAGTTTACCGGATGCCACTCAAAACCAATGCTCTTTGGTGTGGCAATTAACATCAC	6121
QY	5580	CGTAGCCGAAGATTAACCTCGGTGCTTCTTAGTTCAAACTGTGCATATAGTCAGGCAACACA	5639
Db	6122	CGTAGCCGAAGATTAACCTCGGTGCTTCTTAGTTCAAACTGTGCATATAGTCAGGCAACACA	6181
QY	5640	CGCAGGCACACAAGCCAAAATCTGACGGCACAGCAGGTACACCAACCAAGCAGGTGC	5699
Db	6182	CGCAGGCACACAAGCCAAAATCTGACGGCACAGCAGGTACACCAACCAAGCAGGTGC	6241
QY	5700	AACCCGTACGGTTTAAAGGCTTTGCTGTGACAACAGCGGCTGTGGCGGCTCCGTTGGGTGC	5759
Db	6242	AACCCGTACGGTTTAAAGGCTTTGCTGTGACAACAGCGGCTGTGGCGGCTCCGTTGGGTGC	6301
QY	5760	CTTCAGTGTGTGAACCCCGTATCCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTGATGTCACACAGCAC	5819
Db	6302	CTTCAGTGTGTGAACCCCGTATCCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTGATGTCACACAGCAC	6361
QY	5820	CGATGGGGTCAATGTGATGAGCAGTTGTGACAAAGCCCAACCAATTTGCCAACGCAACCA	5879
Db	6362	CGATGGGGTCAATGTGATGAGCAGTTGTGACAAAGCCCAACCAATTTGCCAACGCAACCA	6421
QY	5880	TCAGCTTGACATCGTATTCACACCAAAACGAAAATTAAGGCCAATGCAAGGATTTTCATCAC	5939
Db	6422	TCAGCTTGACATCGTATTCACACCAAAACGAAAATTAAGGCCAATGCAAGGATTTTCATCAC	6481
QY	5940	GATGGGATGGGGTGCATATCCCAAGCCATCAATTCCTGGCAGATCATCATGTTACCGGGGG	5999
Db	6482	GATGGGATGGGGTGCATATCCCAAGCCATCAATTCCTGGCAGATCATCATGTTACCGGGGG	6541
QY	6000	TATTTGCCACCCCAACAGGTCAAGGTGCGGTGACAGTGGGACTGTGGAAGCTTTCGGATTA	6059
Db	6542	TATTTGCCACCCCAACAGGTCAAGGTGCGGTGACAGTGGGACTGTGGAAGCTTTCGGATTA	6601
QY	6060	TGCTCAATGGGTATTTAAATCAATGTGTTCAAGCCATTAACCAAGCCATGTAGGGGGCGC	6119
Db	6602	TGCTCAATGGGTATTTAAATCAATGTGTTCAAGCCATTAACCAAGCCATGTAGGGGGCGC	6661
QY	6120	AGTTGGTCAGAGTTTTCACATT 6141	
Db	6662	AGTTGGTCAGAGTTTTCACATT 6683	
RESULT 4			
AX079913			
LOCUS	AX079913	6973 bp	DNA
DEFINITION	Sequence 1 from Patent WO0107619.		linear
ACCESSION	AX079913		
VERSION	AX079913.1	GI:13159436	
KEYWORDS			
ORGANISM	Moraxella catarrhalis.		
SOURCE	Moraxella catarrhalis		

Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;

Moraxella.

REFERENCE 1 (bases 1 to 6973)

AUTHORS Loomore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.

TITLE Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of

Moraxella

JOURNAL Patent: WO 0107619-A 1 01-FEB-2001;

CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)

FEATURES

Location/Qualifiers

Source

1. 6973

/organism="Moraxella catarrhalis"

/db_xref="taxon:480"

BASE COUNT 2265 a 1555 c 1533 g 1620 t

ORIGIN

Query Match 99.8%; Score 6130; DB 6; Length 6973;

Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;

Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1;

OY 1 ATGAATCACATCTATAAGTCATCTTTAACAAAGCCACAGGCAATTTATGGCAGGGCA 60
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 542 ATGAATCACATCTATAAGTCATCTTTAACAAAGCCACAGGCAATTTATGGCAGGGCA 601
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 61 GAGTACGCCAAATCCACAGCAC-GGGGGGGGGTAGCTGTCTAGACGGCAAGTTGGCAG 119
DB GAGTACGCCAAATCCACAGCACAGGGGGGGGGGTAGCTGTCTAGACGGCAAGTTGGCAG 661
OY 120 TGTATGCACTGTAGCTTTGCCCGTATTTGCCCGCTCGCTGCTCCTGCTGATGCTGCAAC 179
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 662 TGTATGCACTGTAGCTTTGCCCGTATTTGCCCGCTCGCTGCTCCTGCTGATGCTGCAAC 721
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 180 GCTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATTCGCAATGGGGAACA 239
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 722 GCTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATTCGCAATGGGGAACA 781
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 240 AAACGAGCCAAAGACGCTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGCTGATCGAGCCATTTGCTATTGG 299
DB AAACGAGCCAAAGACGCTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGCTGATCGAGCCATTTGCTATTGG 841
OY 782 AAACGAGCCAAAGACGCTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGCTGATCGAGCCATTTGCTATTGG 841
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 300 TGAATATGCTAACGACAGAGGGGCTCAAGCCATCGCCATCGGTATGATTAATAAATCT 359
DB TGAATATGCTAACGACAGAGGGGCTCAAGCCATCGCCATCGGTATGATTAATAAATCT 901
OY 842 TGAATATGCTAACGACAGAGGGGCTCAAGCCATCGCCATCGGTATGATTAATAAATCT 901
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 360 CAATGGAAGCAGTTGGATAGATAGTACGATCGATGCTGAGGGTCAAGAGTCCATCGCAT 419
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 902 CAATGGAAGCAGTTGGATAGATAGTACGATCGATGCTGAGGGTCAAGAGTCCATCGCAT 961
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 420 CGGTGCTGATGTAAGAGCTAGTGTGATGCTCGATTTGCCATCGGTAGTATGATCTTACA 479
DB CGGTGCTGATGTAAGAGCTAGTGTGATGCTCGATTTGCCATCGGTAGTATGATCTTACA 1021
OY 962 CGGTGCTGATGTAAGAGCTAGTGTGATGCTCGATTTGCCATCGGTAGTATGATCTTACA 1021
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 480 TTTGCTTATGATCGATGATGTAATCTTAAACATCCGAAAGTACTCTGATTAACGATCTTAT 539
DB TTTGCTTATGATCGATGATGTAATCTTAAACATCCGAAAGTACTCTGATTAACGATCTTAT 1081
OY 1022 TTTGCTTATGATCGATGATGTAATCTTAAACATCCGAAAGTACTCTGATTAACGATCTTAT 1081
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 540 TAACGCCCATGAGTATTTAAAGAAATACGAGCTCAAGAGTAATGATGATTAATAATATAG 599
DB TAACGCCCATGAGTATTTAAAGAAATACGAGCTCAAGAGTAATGATGATTAATAATATAG 1141
OY 1082 TAACGCCCATGAGTATTTAAAGAAATACGAGCTCAAGAGTAATGATGATTAATAATATAG 1141
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 600 ACGACAAACCCGAGAGCGAGCAGCTAGTCAAGTGGAGGAGCAGTCTATGACAGAGG 659
DB ACGACAAACCCGAGAGCGAGCAGCTAGTCAAGTGGAGGAGCAGTCTATGACAGAGG 1201
OY 1142 ACGACAAACCCGAGAGCGAGCAGCTAGTCAAGTGGAGGAGCAGTCTATGACAGAGG 1201
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 660 TCATTTTTCACAGCGCTTTGGTATACAGGGGCAACAGTAAATGCTATTCCTGGCAAT 719
DB TCATTTTTCACAGCGCTTTGGTATACAGGGGCAACAGTAAATGCTATTCCTGGCAAT 1261
OY 1202 TCATTTTTCACAGCGCTTTGGTATACAGGGGCAACAGTAAATGCTATTCCTGGCAAT 1261
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 720 GGGTCTTGCGCGCAGAGCGGAGGCAATCTCAATCGCTATTTGGTTGATGACAAATC 779
DB GGGTCTTGCGCGCAGAGCGGAGGCAATCTCAATCGCTATTTGGTTGATGACAAATC 1321
OY 1262 GGGTCTTGCGCGCAGAGCGGAGGCAATCTCAATCGCTATTTGGTTGATGACAAATC 1321
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 780 TAGCTCTGTTGGAGGATAGCCCTTGGTGCAGTACTGCTGCTCAGCTACAGGCGATAT 839
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

DB 1322 TAGCTCTGTTGGAGGATAGCCCTTGGTGCAGTACTGCTGCTCAGCTACAGGCGATAT 1381
OY 840 TGGCCCTAGTCAAGTCTTCTGTCTCAGTCAAGTATTAATCTTACAGCCGCTATAC 899
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DB 1382 TGGCCCTAGTCAAGTCTTCTGTCTCAGTCAAGTATTAATCTTACAGCCGCTATAC 1441
OY 900 ACCAATTACCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATACAGAGGGGCTC 959
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
DB 1442 ACCAATTACCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATACAGAGGGGCTC 1501
OY 960 ACTTTTCATTTGGTATGATCTATCAACGTAATATCATCATATGCTGGTGCAGAGTTAA 1019
DB ACTTTTCATTTGGTATGATCTATCAACGTAATATCATCATATGCTGGTGCAGAGTTAA 1561
OY 1502 ACTTTTCATTTGGTATGATCTATCAACGTAATATCATCATATGCTGGTGCAGAGTTAA 1561
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1020 TAAACCGATGGGCTCAATGTGACACAGTACAGAGGGGCTGATGAGGCTTAAAGAGG 1079
DB TAAACCGATGGGCTCAATGTGACACAGTACAGAGGGGCTGATGAGGCTTAAAGAGG 1621
OY 1562 TAAACCGATGGGCTCAATGTGACACAGTACAGAGGGGCTGATGAGGCTTAAAGAGG 1621
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1080 TGAATTTACTTTTACAGGTGATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATGCTTGGATATAC 1139
DB TGAATTTACTTTTACAGGTGATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATGCTTGGATATAC 1681
OY 1622 TGAATTTACTTTTACAGGTGATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATGCTTGGATATAC 1681
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1140 TTTAATTTAAAGTGTGACAGAGCAACGATTAACGATTAATATATGCTGTGGT 1199
DB TTTAATTTAAAGTGTGACAGAGCAACGATTAACGATTAATATATGCTGTGGT 1741
OY 1682 TTTAATTTAAAGTGTGACAGAGCAACGATTAACGATTAATATATGCTGTGGT 1741
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1200 AAAAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAAGTTAACTTCTTAACTTTAAACATTTTAC 1259
DB AAAAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAAGTTAACTTCTTAACTTTAAACATTTTAC 1801
OY 1742 AAAAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAAGTTAACTTCTTAACTTTAAACATTTTAC 1801
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1260 TGAAGTATACACTACATTAATTAATGCAACCAACAGTTAAGGTAGTATGATGATG 1319
DB TGAAGTATACACTACATTAATTAATGCAACCAACAGTTAAGGTAGTATGATGATG 1861
OY 1802 TGAAGTATACACTACATTAATTAATGCAACCAACAGTTAAGGTAGTATGATGATG 1861
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1320 TACTACAGCTGAATTAATGATGATGATTAATCCTTTACCCAGCCCAATACAGCGAGTCA 1379
DB TACTACAGCTGAATTAATGATGATGATTAATCCTTTACCCAGCCCAATACAGCGAGTCA 1921
OY 1862 TACTACAGCTGAATTAATGATGATGATTAATCCTTTACCCAGCCCAATACAGCGAGTCA 1921
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1380 AAGCAACCAACCCGCTATAGGCTTAAATGGGGTGAAGTTTACTTAATATGCAACAAAC 1439
DB AAGCAACCAACCCGCTATAGGCTTAAATGGGGTGAAGTTTACTTAATATGCAACAAAC 1981
OY 1922 AAGCAACCAACCCGCTATAGGCTTAAATGGGGTGAAGTTTACTTAATATGCAACAAAC 1981
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1440 AACAGCAGCAATCGGCACTACTGCTATTAACAGAGATTAATTAATGCTTGTCTGAGATGG 1499
DB AACAGCAGCAATCGGCACTACTGCTATTAACAGAGATTAATTAATGCTTGTCTGAGATGG 2041
OY 1982 AACAGCAGCAATCGGCACTACTGCTATTAACAGAGATTAATTAATGCTTGTCTGAGATGG 2041
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1500 TGAATTTGATGAAAAAACAAGCACCATATTTGGATTAATAAACAATTAAAGTGGATGCT 1559
DB TGAATTTGATGAAAAAACAAGCACCATATTTGGATTAATAAACAATTAAAGTGGATGCT 2101
OY 2042 TGAATTTGATGAAAAAACAAGCACCATATTTGGATTAATAAACAATTAAAGTGGATGCT 2101
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1560 TGAATTTGATGAAAAAACAAGCACCATATTTGGATTAATAAACAATTAAAGTGGATGCT 1619
DB TGAATTTGATGAAAAAACAAGCACCATATTTGGATTAATAAACAATTAAAGTGGATGCT 2161
OY 2102 TGAATTTGATGAAAAAACAAGCACCATATTTGGATTAATAAACAATTAAAGTGGATGCT 2161
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1620 AGGTAGCAGTGTCAACGATGCGGTTCACATTCGAAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCTTCTT 1679
DB AGGTAGCAGTGTCAACGATGCGGTTCACATTCGAAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCTTCTT 2221
OY 2162 AGGTAGCAGTGTCAACGATGCGGTTCACATTCGAAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCTTCTT 2221
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1680 AAAAGCAGCGCTGAGCATGATGTCACACCTACTGTAATATACGTTGATGCTAAGAGTGG 1739
DB AAAAGCAGCGCTGAGCATGATGTCACACCTACTGTAATATACGTTGATGCTAAGAGTGG 2281
OY 2222 AAAAGCAGCGCTGAGCATGATGTCACACCTACTGTAATATACGTTGATGCTAAGAGTGG 2281
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1740 CATGTTTACCGCCCACTTACAACTTTGGCGTGAAGAAACCCGAGCTTAACAGTATGG 1799
DB CATGTTTACCGCCCACTTACAACTTTGGCGTGAAGAAACCCGAGCTTAACAGTATGG 2341
OY 2282 CATGTTTACCGCCCACTTACAACTTTGGCGTGAAGAAACCCGAGCTTAACAGTATGG 2341
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1800 CACTAGTGAATTAATTAAGTGTAGAGTGTGATGACGAATATGCTTATGATTAACGCCGA 1859
DB CACTAGTGAATTAATTAAGTGTAGAGTGTGATGACGAATATGCTTATGATTAACGCCGA 2401
OY 2342 CACTAGTGAATTAATTAAGTGTAGAGTGTGATGACGAATATGCTTATGATTAACGCCGA 2401
DB ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
OY 1860 ACATTTTGGCAGCTATCTAATTAAGTCAATGCAACGCGCTGACAGTGTCTTCAAAAGCTT 1919
DB ACATTTTGGCAGCTATCTAATTAAGTCAATGCAACGCGCTGACAGTGTCTTCAAAAGCTT 2461

QY	1920	TACCGTTAAAGAAAGAACGATGATGAGCCCAACGCTATCACCGTGGCTAAAGATACGAC	1979
Db	2462	TACCGTTAAAGAAAGAAAGACGATGATGAGCCCAACGCTATCACCGTGGCTAAAGATACGAC	2521
QY	1980	AAAAAATGCCGGGGCAGTCAGCATCTTAAATCTCAAAAGTAAAAAAGCGTCTAAACGGTTGC	2039
Db	2522	AAAAAATGCCGGGGCAGTCAGCATCTTAAATCTCAAAAGTAAAAAAGCGTCTAAACGGTTGC	2581
QY	2040	TACCAAAAAAGATGTTACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGATAGCGGCTGACCAATTGC	2099
Db	2582	TACCAAAAAAGATGTTACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGATAGCGGCTGACCAATTGC	2641
QY	2100	CAAAAGACCGCTTAACAACAGATGGCTTGACCTTTAAAGTTACCAAGCAAAACATCCAACT	2159
Db	2642	CAAAAGACCGCTTAACAACAGATGGCTTGACCTTTAAAGTTACCAAGCAAAACATCCAACT	2701
QY	2160	CGGTGCTAAATGGCATTTAAATTTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAGGTACTGGCATTTGC	2219
Db	2702	CGGTGCTAAATGGCATTTAAATTTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAGGTACTGGCATTTGC	2761
QY	2220	AAATACCGCTCGCATTTACAGAGATTAATTTGGCTTTGCTGGTTCTGATGGTGCAGTTGA	2279
Db	2762	AAATACCGCTCGCATTTACAGAGATTAATTTGGCTTTGCTGGTTCTGATGGTGCAGTTGA	2821
QY	2280	TACAAACAAACCTTTATCTTGATCAACACAGGTACAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAA	2339
Db	2882	TACAAACAAACCTTTATCTTGATCAACACAGGTACAGTTGGCAATGTTAAGATTACCAA	2881
QY	2340	CACGTGGCATTTACGCGAGGTGTTAAAGCCATCACAGGGCTGTGCCCAACATGCTAGAT	2399
Db	2882	CACGTGGCATTTACGCGAGGTGTTAAAGCCATCACAGGGCTGTGCCCAACATGCTAGAT	2941
QY	2400	TGCCGATCAAAAGTAGCGCGCAACATAGAACCTGGGCAATACAAATCCAAAGCAAAACAATTC	2459
Db	2942	TGCCGATCAAAAGTAGCGCGCAACATAGAACCTGGGCAATACAAATCCAAAGCAAAACAATTC	3001
QY	2460	CAACGCTGCAGCATTTAATGATATTTAAATACAGGCTTTAACTTAATAAATATATACAA	2519
Db	3002	CAACGCTGCAGCATTTAATGATATTTAAATACAGGCTTTAACTTAATAAATATATACAA	3061
QY	2520	CCCCATGACCTTTGTCTCCCACTATGACANTGTGTGACTTTGGCANTGGCAATGGCCACAC	2579
Db	3062	CCCCATGACCTTTGTCTCCCACTATGACANTGTGTGACTTTGGCANTGGCAATGGCCACAC	3121
QY	2580	CGCCACAGTAACCCATGATACCCCTAAACAAACACAGTAAGTGGTATATGATGTGAATGT	2639
Db	3122	CGCCACAGTAACCCATGATACCCCTAAACAAACACAGTAAGTGGTATATGATGTGAATGT	3181
QY	2640	GGATGATACAAACCTTATCTTAACAGGCACTGATGACATTAATAAAACCTTGGCTCAAAAC	2699
Db	3182	GGATGATACAAACCTTATCTTAACAGGCACTGATGACATTAATAAAACCTTGGCTCAAAAC	3241
QY	2700	CACCAAACTGACAAACACAGTCTATATGGTATATACGACACATTAACCTTAAATGTTAACTC	2759
Db	3242	CACCAAACTGACAAACACAGTCTATATGGTATATACGACACATTAACCTTAAATGTTAACTC	3301
QY	2760	TAGTGAATGAAGATGCGCTTGTTAACGCCAAAGACATGCGCCGAAAATCTTAACACCTTAGC	2819
Db	3302	TAGTGAATGAAGATGCGCTTGTTAACGCCAAAGACATGCGCCGAAAATCTTAACACCTTAGC	3361
QY	2820	CAAGGAATTTACACGCAACCAAGGCAAGCAGCAGCCGCTTAACAAACCTTATACCGTTAA	2879
Db	3362	CAAGGAATTTACACGCAACCAAGGCAAGCAGCAGCCGCTTAACAAACCTTATACCGTTAA	3421
QY	2880	AAAGGTAGATGAATAATTAATGCTGATGACGCGCAACGCCATACCGTGGCTCAAAAGAA	2939
Db	3422	AAAGGTAGATGAATAATTAATGCTGATGACGCGCAACGCCATACCGTGGCTCAAAAGAA	3481
QY	2940	CGCAAAATTAATCAAACTCAACACCCCTAACACATCAAAAGGTGAAGAAAGCGCTTAATATTAAC	2999
Db	3482	CGCAAAATTAATCAAACTCAACACCCCTAACACATCAAAAGGTGAAGAAAGCGCTTAATATTAAC	3541

QY	3000	CGAATAAAATGATGACGGTTATACCTTTGGCATTTACACACACAGCGGCTTTAAGCGGGCAA	3055
Db	3542	CGACAAAAATGATGACGGTTATACCTTTGGCATTTAACAACACACAGCGGCTTTAAGCGGGCAA	3601
QY	3080	AAGCACCCCTAAAGCAGCGTGCGCTTGCTATTTAAAAACCCACCTGGGTACGGAACAAATCCA	3119
Db	3682	AAGCACCCCTAAAGCAGCGTGCGCTTGCTATTTAAAAACCCACCTGGGTACGGAACAAATCCA	3661
QY	3120	AGTCGGTCTGATGCGGTGAAGTTTGGCCAAAGTTAAATTAATGTGTTGAGTGCTGG	3179
Db	3662	AGTCGGTCTGATGCGGTGAAGTTTGGCCAAAGTTAAATTAATGTGTTGAGTGCTGG	3721
QY	3180	CATTGATGGCAACAACCTGCACTTTCACAGAGATGGAATTTGGCTTTACTGGGCAATATGCTC	3239
Db	3722	CATTGATGGCAACAACCTGCACTTTCACAGAGATGGAATTTGGCTTTACTGGGCAATATGCTC	3781
QY	3240	ACTTGATAAAAAGCAAAACCCACCTTAAGCAAAAGCGGATTTAAACGAGGTGTAAAAAGAT	3299
Db	3782	ACTTGATAAAAAGCAAAACCCACCTTAAGCAAAAGCGGATTTAAACGAGGTGTAAAAAGAT	3841
QY	3300	TACCAACATTCAATCAGGTGAGATTTGCCAAAAACGCCATGATGGTGAGACAGCGGCAA	3359
Db	3842	TACCAACATTCAATCAGGTGAGATTTGCCAAAAACGCCATGATGGTGAGACAGCGGCAA	3901
QY	3360	GATTATGATTTAAAAACCCCAACTTGAACAAACAAATCAGACACTACTGCGCAAAACAGACA	3419
Db	3902	GATTATGATTTAAAAACCCCAACTTGAACAAACAAATCAGACACTACTGCGCAAAACAGACA	3961
QY	3420	AAACTCATTTACGCAATTTCTCACTAGCAGATGAAACAAAGTAACTTAATCTTTAGGTAGTAA	3479
Db	3962	AAACTCATTTACGCAATTTCTCACTAGCAGATGAAACAAAGTAACTTAATCTTTAGGTAGTAA	4021
QY	3480	CCCTTACTCCAGTTATACACCTTCACAAAGACCTTGATGTATCATCACCTTTGCGAGGTGAAA	3539
Db	4022	CCCTTACTCCAGTTATACACCTTCACAAAGACCTTGATGTATCATCACCTTTGCGAGGTGAAA	4081
QY	3540	CGGCATTTACCAACAGGTAAATTAAGGTGTGGTGTGGGCAATTGACCAAAACCAAAAG	3599
Db	4082	CGGCATTTACCAACAGGTAAATTAAGGTGTGGTGTGGGCAATTGACCAAAACCAAAAG	4141
QY	3600	CTTAAACCAAGCCTAAGGTGAACCGGGTAAATTAATTAATGSCAAAGCAATTGTCATTGACAG	3659
Db	4142	CTTAAACCAAGCCTAAGGTGAACCGGGTAAATTAATTAATGSCAAAGCAATTGTCATTGACAG	4201
QY	3660	CCAAATATGTCAAAATATCCATTCACAGAGCTTAACCAACACTCTAGCTAATGTTCACCAATGA	3719
Db	4202	CCAAATATGTCAAAATATCCATTCACAGAGCTTAACCAACACTCTAGCTAATGTTCACCAATGA	4261
QY	3720	TAAAGTAGCGGTAGCGACCAAGAACGGGCATTTATATCAAAAGAGAAACAAACCCG	3779
Db	4262	TAAAGTAGCGGTAGCGACCAAGAACGGGCATTTATATCAAAAGAGAAACAAACCCG	4321
QY	3780	TGCCCGCAGCATTTGATGTGCTTAACGCAAGGCTTTAACTTGCAAGGCAATGCTGAAGC	3839
Db	4322	TGCCCGCAGCATTTGATGTGCTTAACGCAAGGCTTTAACTTGCAAGGCAATGCTGAAGC	4381
QY	3840	GGTTCACCTTGTCTCCACTTATGACACCGTCACACTTTGGCCATGGCAATGCCACACACCGC	3899
Db	4382	GGTTCACCTTGTCTCCACTTATGACACCGTCACACTTTGGCCATGGCAATGCCACACACCGC	4441
QY	3900	TAAAGTAGCATATATATACACAAAGCAAAACACAGTAAAGTGCTATGTATGTCAATGTGGA	3959
Db	4442	TAAAGTAGCATATATATACACAAAGCAAAACACAGTAAAGTGCTATGTATGTCAATGTGGA	4501
QY	3960	TGATATCAACCAATTGAGTTAAAGTATAAAAAACTTTGGCGTAAAAAACCCACCACTTACACAG	4019
Db	4502	TGATATCAACCAATTGAGTTAAAGTATAAAAAACTTTGGCGTAAAAAACCCACCACTTACACAG	4561
QY	4020	TACTGGCACAGGTGTAATAAATTTGGCCATACCAATCAGAGTACAGGTGGGAGTGGCCTTGT	4079
Db	4562	TACTGGCACAGGTGTAATAAATTTGGCCATACCAATCAGAGTACAGGTGGGAGTGGCCTTGT	4621
QY	4080	CAGAGCCAGTATATTCGTGTGCTATCTAAACACCTATCTGGGACATCCAAATGCCAA	4139

|||||
Db 4622 CAAGGCAGTGTATCTGTCATCTAAACCTATCTGGCGACATCCAAACTGCCAA 4681
OY 4140 AGGGGCAAGCCCAAGGAACAATCAGCAGAGCTATGTGATGCTGATGGAATAAGTCTAT 4199
Db 4682 AGGGGCAAGCCCAAGGAACAATCAGCAGAGCTATGTGATGCTGATGGAATAAGTCTAT 4741
OY 4200 CTATGACAGTACCGATTAACAACTACTATCAAGCCAAATAATGATGGCAGTTGATTAAC 4259
Db 4742 CTATGACAGTACCGATTAACAACTACTATCAAGCCAAATAATGATGGCAGTTGATTAAC 4801
OY 4260 CAAGAAGTTGCCAAGAGACAACTGGTGGCCCAAGGCCAAACCCAGATGGCAATTTGGC 4319
Db 4802 CAAGAAGTTGCCAAGAGACAACTGGTGGCCCAAGGCCAAACCCAGATGGCAATTTGGC 4861
OY 4320 TCAAAATGATGTCAATATCGTATTAACAAAGAACAGTAATGATGCCAATAAAGAGA 4379
Db 4862 TCAAAATGATGTCAATATCGTATTAACAAAGAACAGTAATGATGCCAATAAAGAGA 4921
OY 4380 AGGCATCAATGAAGACAACGCCCTTGTAAAGAGACTTGAATAAGCCGCTTCTGATTAACA 4439
Db 4922 AGGCATCAATGAAGACAACGCCCTTGTAAAGAGACTTGAATAAGCCGCTTCTGATTAACA 4981
OY 4440 AAACAAAACGCCGCAAGTAACCTGTGGGTGATTTAAATGCGCTTGGCCAAAACACCGCTGAC 4499
Db 4982 AAACAAAACGCCGCAAGTAACCTGTGGGTGATTTAAATGCGCTTGGCCAAAACACCGCTGAC 5041
OY 4500 CTTTCAGAGGGATACAGGACACAGGCTTAAATACTGGGCGAGACTTTTACCATCAAAAG 4559
Db 5042 CTTTCAGAGGGATACAGGACACAGGCTTAAATACTGGGCGAGACTTTTACCATCAAAAG 5101
OY 4560 TGGGCAACAGACACCAATTAACGATTAATTAACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGA 4619
Db 5102 TGGGCAACAGACACCAATTAACGATTAATTAACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGA 5161
OY 4620 TGGCTTCACTGTCAAACTTGTCCAAAGACCTTAACCAATCTTAAACAGCTTAAATGACAGTGG 4679
Db 5162 TGGCTTCACTGTCAAACTTGTCCAAAGACCTTAACCAATCTTAAACAGCTTAAATGACAGTGG 5221
OY 4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTGTAGACTTAACGCGGTCAAGCCAAAGCAAA 4739
Db 5222 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTGTAGACTTAACGCGGTCAAGCCAAAGCAAA 5281
OY 4740 CACCCCTGTGTAAGTGGCCAAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTTCATCAGTAATGTGGG 4799
Db 5282 CACCCCTGTGTAAGTGGCCAAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGTTCATCAGTAATGTGGG 5341
OY 4800 CAAAGGCAACAAAGATACCAGCGTGGCAATGTACAAAGTTAAACGAAGTAACGCAATT 4859
Db 5342 CAAAGGCAACAAAGATACCAGCGTGGCAATGTACAAAGTTAAACGAAGTAACGCAATT 5401
OY 4860 GTTGGGTCTGTGTAATGGTGTGTAATGATTAAGCTGACGGCAATTCAGTAAACATTGCCGA 4919
Db 5402 GTTGGGTCTGTGTAATGGTGTGTAATGATTAAGCTGACGGCAATTCAGTAAACATTGCCGA 5461
OY 4920 CATCAAAAAAGACCCCAATTCAGTTCAATCATCTAACCGCACTGTCAATCAAAAGAGGAC 4979
Db 5462 CATCAAAAAAGACCCCAATTCAGTTCAATCATCTAACCGCACTGTCAATCAAAAGAGGAC 5521
OY 4980 GGTACTTGGCGGTAAAGGTAAATACGATACGAAAAAATTGGCACTGTGTGATACAACT 5039
Db 5522 GGTACTTGGCGGTAAAGGTAAATACGATACGAAAAAATTGGCACTGTGTGATACAACT 5581
OY 5040 GGGCGTGTGTAAGAGCGGCAACGCTAACGGGATTAAGCAATGTTGGGTCAAAAAACCA 5099
Db 5582 GGGCGTGTGTAAGAGCGGCAACGCTAACGGGATTAAGCAATGTTGGGTCAAAAAACCA 5641
OY 5100 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATAACGCGGAGGTCAAGCAACTA 5159
Db 5642 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATAACGCGGAGGTCAAGCAACTA 5701
OY 5160 TTTGACCAACAACCCCGCAGAAAGCAATTGACGAATAAATGAACAAGTATCCGCTTCTT 5219
|||||

Db 5702 TTTGACCAACAACCCCGCAGAAAGCCATTTAGACAGATTAATGAACAAGTATCCGCTTCTT 5761
OY 5220 CCATGTCAACGATGGAATCAAGAGCTGTGTGACAAAGGCGCTTAACGGCATTTACTCAAG 5279
Db 5762 CCATGTCAACGATGGAATCAAGAGCTGTGTGACAAAGGCGCTTAACGGCATTTACTCAAG 5821
OY 5280 TGGCTTCAAGGCAACCTCAGTGTGCGATAGTGTTCAGGCGCAAGGCGAGTGTGAACCCG 5339
Db 5822 TGGCTTCAAGGCAACCTCAGTGTGCGATAGTGTTCAGGCGCAAGGCGAGTGTGAACCCG 5881
OY 5340 CGTTGCCATTAAGCAGCAAAACCCAGAGCAACCAATCCATCCATCGGTGATTAAGCC 5399
Db 5882 CGTTGCCATTAAGCAGCAAAACCCAGAGCAACCAATCCATCCATCGGTGATTAAGCC 5941
OY 5400 ACAAGGCAAGGCGGATCAATCCATTCGCCATTCGCTTAAGGCAATGTGTAGCAGTAAAGA 5459
Db 5942 ACAAGGCAAGGCGGATCAATCCATTCGCCATTCGCTTAAGGCAATGTGTAGCAGTAAAGA 6001
OY 5460 CTCTGGTGCATCGCGGACCCCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTCAGTGTGGTTAA 5519
Db 6002 CTCTGGTGCATCGCGGACCCCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTCAGTGTGGTTAA 6061
OY 5520 TAAACAACAGTTTACCGATGCCACTCAAAACCGATGCTTTGTGGTGGCAATTAACATCAC 5579
Db 6062 TAAACAACAGTTTACCGATGCCACTCAAAACCGATGCTTTGTGGTGGCAATTAACATCAC 6121
OY 5580 CGTGACCGAAAGTAACCTCGGTGTGCTTAACTGTGCATATAGTGCAGGCAACA 5639
Db 6122 CGTGACCGAAAGTAACCTCGGTGTGCTTAACTGTGCATATGATGCAGGCAACA 6181
OY 5640 CGCAGGCAACAAGCCAAATAATCTGACGCGACAGAGGTACAAACCAACCAACAGAGTGG 5699
Db 6182 CGCAGGCAACAAGCCAAATAATCTGACGCGACAGAGGTACAAACCAACCAACAGAGTGG 6241
OY 5700 AACCGGTACGTTTAAAGGCTTGTCTGACAAACGCGGTTGGTCCGTCCGTGGGTGC 5759
Db 6242 AACCGGTACGTTTAAAGGCTTGTCTGACAAACGCGGTTGGTCCGTCCGTGGGTGC 6301
OY 5760 CTCAGGTGCTGAAGCGCGATCCCAAAATGTGGCAGAGGTGAAGTGCACACGACAC 5819
Db 6302 CTCAGGTGCTGAAGCGCGATCCCAAAATGTGGCAGAGGTGAAGTGCACACGACAC 6361
OY 5820 CGATGGCGTCAATGTAGCCAGTGTGTAAAGGCAACCCCAAGGATTTGCCAACGCAACAA 5879
Db 6362 CGATGGCGTCAATGTAGCCAGTGTGTAAAGGCAACCCCAAGGATTTGCCAACGCAACAA 6421
OY 5880 TGAAGCTTGACATCGTATCCCAAAAGCAAAATTAAGGCCATGACGAGATTTCAATCAG 5939
Db 6422 TGAAGCTTGACATCGTATCCCAAAAGCAAAATTAAGGCCATGACGAGATTTCAATCAG 6481
OY 5940 GATGGCGATGGGCTCCATGCGCAACGCTTCAATCTCTGCGAAGATCCATGTTAACCGGGGG 5999
Db 6482 GATGGCGATGGGCTCCATGCGCAACGCTTCAATCTCTGCGAAGATCCATGTTAACCGGGGG 6541
OY 6000 TATTTGCCACCAACAAGGCTCAAGGTGCGGTGGCAGTGGGAGTGTCCAAACCTGCGGATTA 6059
Db 6542 TATTTGCCACCAACAAGGCTCAAGGTGCGGTGGCAGTGGGAGTGTCCAAACCTGCGGATTA 6601
OY 6060 TGGTCAATGGGTAATTTAAATCAATGTTCAGCCGATACCAAGGCCATGATAGGGGCGGC 6119
Db 6602 TGGTCAATGGGTAATTTAAATCAATGTTCAGCCGATACCAAGGCCATGATAGGGGCGGC 6661
OY 6120 AGTTGGTGCAGGTTTCACTTT 6141
Db 6662 AGTTGGTGCAGGTTTCACTTT 6683
|||||

RESULT 5
AR181131
LOCUS AR181131 6975 bp DNA linear PAT 20-APR-2002
DEFINITION Sequence 1 from patent US 6335018.
ACCESSION AR181131
VERSION AR181131.1 GI:20223345

KEYWORDS
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 6975)
AUTHORS Sasaki,K., Harkness,R.E. and Klein,M.H.
TITLE High molecular weight major outer membrane protein of moraxella
JOURNLS Patent: US 635018-A 1 01-JAN-2002;
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..6975
/organism="unknown"
BASE COUNT 2266 a 1556 c 1533 g 1620 t
ORIGIN
Query Match 99.64; Score 6119; DB 6; Length 6975;
Best Local Similarity 100.00; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 2; Gaps 2;
QY 1 ATGAATCATCTTAATTAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGGACATTTATGCGAGTGGCA 60
DB 542 ATGAATCATCTTAATTAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGGACATTTATGCGAGTGGCA 601
QY 61 GAGTACGCCAATCCACAGCAGC-66GGGGGGGTAAGTGTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAG 119
DB 602 GAGTACGCCAATCCACAGCAGCAGGGGGGGGTAAGTGTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAG 661
QY 120 TGTATGCACTGTGAGCTTGGCCGTAATGCGCGCTGTGCTGTGATGCGTGAAC 179
DB 662 TGTATGCACTGTGAGCTTGGCCGTAATGCGCGCTGTGCTGTGATGCGTGAAC 721
QY 180 GCTCAGTGGCAGTGTCTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCGCAATTTGTGAACA 239
DB 722 GCTCAGTGGCAGTGTCTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATCGCAATTTGTGAACA 781
QY 240 AAACGACGCAAGGCTCTAGCAGCTGCCAAGGCGAGCGGTATCGAGCATTTGCTATTGG 299
DB 782 AAACGACGCAAGGCTCTAGCAGCTGCCAAGGCGAGCGGTATCGAGCATTTGCTATTGG 841
QY 300 TGAANAATCTAATACGCACAGGGGCTCAAGCCATCGCATCGGTAGTAAATAAAGTGT 359
DB 842 TGAANAATCTAATACGCACAGGGGCTCAAGCCATCGCATCGGTAGTAAATAAAGTGT 901
QY 360 CAATGGAAGCAGTTTGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATGCCAT 419
DB 902 CAATGGAAGCAGTTTGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATGCCAT 961
QY 420 CGGTGCTATGTAAGAGCTAGTGTGATGCCGATTCGATCGCATCGGTAGTGAATCA 479
DB 962 CGGTGCTATGTAAGAGCTAGTGTGATGCCGATTCGATCGCATCGGTAGTGAATCA 1021
QY 480 TTTGCTTATCAGCATGGTAAATCTAATACATCCGAAGGTACTCTGATTAACGATCTTAT 539
DB 1022 TTTGCTTATCAGCATGGTAAATCTAATACATCCGAAGGTACTCTGATTAACGATCTTAT 1081
QY 540 TAAAGCGCATGCAATTAATAAAGAAATACGAAGTCAAGAGTAATGATGTAATAATAG 599
DB 1082 TAAAGCGCATGCAATTAATAAAGAAATACGAAGTCAAGAGTAATGATGTAATAATAG 1141
QY 600 ACGCAACACCGCAACGGGACACAGCCAGTACAGTGGAGGCCATGCTATATGCAACAGGG 659
DB 1142 ACGCAACACCGCAACGGGACACAGCCAGTACAGTGGAGGCCATGCTATATGCAACAGGG 1201
QY 660 TCATTTTTCGAACGCTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAGTGCCTATTTCTTGCGCAAT 719
DB 1202 TCATTTTTCGAACGCTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAGTGCCTATTTCTTGCGCAAT 1261
QY 720 GGGTCTTCCGCGCACAGCCGAGGGCCATCTAACAATCGCTATTGGTCTGTGATGCAACATC 779
DB 1262 GGGTCTTCCGCGCACAGCCGAGGGCCATCTAACAATCGCTATTGGTCTGTGATGCAACATC 1321
QY 780 TAGCTGTTGGAGAGGATAGCCCTTGGTGTGAGTACTGCTGTACGCTACAGGCAAGTAT 839
DB 1322 TAGCTGTTGGAGAGGATAGCCCTTGGTGTGAGTACTGCTGTACGCTACAGGCAAGTAT 1381

QY 840 TGCCCTAGGTCAAGGTCTGTGTGCTACCTCAGAGTATATAATTTCTAGACCGGCTATAC 899
DB 1382 TGCCCTAGGTCAAGGTCTGTGTGCTACCTCAGAGTATATAATTTCTAGACCGGCTATAC 1441
QY 900 ACCAATATCCAGGACACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATACGAAGCGGGTCC 959
DB 1442 ACCAATATCCAGGACACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATACGAAGCGGGTCC 1501
QY 960 ACTTTCCATTGGTACTAATCTATCAACGTAATAATCATCAATGTGCGTGCAGGTGTTAA 1019
DB 1502 ACTTTCCATTGGTACTAATCTATCAACGTAATAATCATCAATGTGCGTGCAGGTGTTAA 1561
QY 1020 TAAACCGATGGGCTCAATGTGGCACAGCTGTGAACGGGTGGGAAGTGGCTAAGAGACG 1079
DB 1562 TAAACCGATGGGCTCAATGTGGCACAGCTGTGAACGGGTGGGAAGTGGCTAAGAGACG 1621
QY 1080 TAGAATTAATTTTCAGGGTGTATGATACAGTACGACCTAATAAATAGGTTTGATATATC 1139
DB 1622 TAGAATTAATTTTCAGGGTGTATGATACAGTACGACCTAATAAATAGGTTTGATATATC 1681
QY 1140 TTTAACTATTAAAGTGTGTGACAGACCAAGCATTTAACCGATATATATTCGGTGTGT 1199
DB 1682 TTTAACTATTAAAGTGTGTGACAGACCAAGCATTTAACCGATATATATTCGGTGTGT 1741
QY 1200 AAAAGAGCTGATATATAGTGTCTGAAGTTAACTTGTCTAAACCTTAAACAATCTTAC 1259
DB 1742 AAAAGAGCTGATATATAGTGTCTGAAGTTAACTTGTCTAAACCTTAAACAATCTTAC 1801
QY 1260 TGAGGTGAATACACTACATTAATATGCCACAACACAGTTAAGTATAGTATAGTAG 1319
DB 1802 TGAGGTGAATACACTACATTAATATGCCACAACACAGTTAAGTATAGTATAGTAG 1861
QY 1320 TACTACAGTGAATTAATGAGTATAGTATAGTTAACTTCCAGGCCATPACAGGACGTCA 1379
DB 1862 TACTACAGTGAATTAATGAGTATAGTATAGTTAACTTCCAGGCCATPACAGGACGTCA 1921
QY 1380 AAGCACAAGCAAAACCGCTATGGGCTTAATGGGGTGAAGTTTACTAAATATGCGAAGC 1439
DB 1922 AAGCACAAGCAAAACCGCTATGGGCTTAATGGGGTGAAGTTTACTAAATATGCGAAGC 1981
QY 1440 AACACAGCAATCGGCACACTACTCTGATTAATCCAGACATTAATTTGGCTTGCACGATAG 1499
DB 1982 AACACAGCAATCGGCACACTACTCTGATTAATCCAGACATTAATTTGGCTTGCACGATAG 2041
QY 1500 TGATGTTGTAAGAAACAAAGCACCATATTTGGATTAAGAAACAACTTAAAGTGGTAGTGT 1559
DB 2042 TGATGTTGTAAGAAACAAAGCACCATATTTGGATTAAGAAACAACTTAAAGTGGTAGTGT 2101
QY 1560 TGCAATTAACCAATAGCAATGGCATTGATGACAGTAAATAAAGATCAATCTTGGCCAA 1619
DB 2102 TGCAATTAACCAATAGCAATGGCATTGATGACAGTAAATAAAGATCAATCTTGGCCAA 2161
QY 1620 AGGTAGCAGTGTATCAGATGGGTTACCATGGAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCCACTT 1679
DB 2162 AGGTAGCAGTGTATCAGATGGGTTACCATGGAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCCACTT 2221
QY 1680 AAACGACGCGCTGGCATCAGTGTCAACACTACTGAATATATCAGTTGATGCTAAGAGTGG 1739
DB 2222 AAACGACGCGCTGGCATCAGTGTCAACACTACTGAATATATCAGTTGATGCTAAGAGTGG 2281
QY 1740 CAATGTTACCGGCCCAACTTACACATTTGGCGTGAAGAACACGAGCTTAAACAGTATAG 1799
DB 2282 CAATGTTACCGGCCCAACTTACACATTTGGCGTGAAGAACACGAGCTTAAACAGTATAG 2341
QY 1800 CACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGTATGTGTACGAACATATACCTTAGTACCGCCGA 1859
DB 2342 CACTAGTATTAATTTAGTGTAAAGGTATGTGTACGAACATATACCTTAGTACCGCCGA 2401
QY 1860 ACATTGGCAAGCTATCTAATGAAGTCAATGCAAGCGGTGACAGTGTCTCAAGGCTT 1919
DB 2402 ACATTGGCAAGCTATCTAATGAAGTCAATGCAAGCGGTGACAGTGTCTCTACAAAGCTT 2461

Dh 4622 CAAGGCCAGTATCGTGTCTACTTAACACCTTATCTGGCAGATCCAACTGCCAA 4681
Qy 4140 AGGGGCAAGCCAGCAACCACTCAGAGGCTATGTGAGTCTGATGGCAATTAAGTTCAT 4199
Dh 4682 AGGGGCAAGCCAGCAACCACTCAGAGGCTATGTGAGTCTGATGGCAATTAAGTTCAT 4741
Qy 4200 CTATGACAGTACGATTAACAGTACTACTTACAGCCAAAATGATGGCAGTGTGATTAAC 4239
Dh 4742 CTATGACAGTACGATTAACAGTACTACTTACAGCCAAAATGATGGCAGTGTGATTAAC 4801
Qy 4260 CAAGAAGTTGCCAAGCAAACTGTGCCCCAAGCCCAACCCAGATGGCAGATTGGC 4319
Dh 4802 CAAGAAGTTGCCAAGCAAACTGTGCCCCAAGCCCAACCCAGATGGCAGATTGGC 4861
Qy 4320 TCAAAATGATGTCAAAATCAGTATTAACAAAGAACTAAATGATGGCAATTAAGCA 4379
Dh 4862 TCAAAATGATGTCAAAATCAGTATTAACAAAGAACTAAATGATGGCAATTAAGCA 4921
Qy 4380 AGGCATCAATGAAGCAACAGCCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATTAACA 4439
Dh 4922 AGGCATCAATGAAGCAACAGCCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATTAACA 4981
Qy 4440 AACCAAAAACGCCGAGTAACGTGTGGGATTTAAATGCCGTTGCCCAACACCGCTGAC 4499
Dh 4982 AACCAAAAACGCCGAGTAACGTGTGGGATTTAAATGCCGTTGCCCAACACCGCTGAC 5041
Qy 4500 CTTTGACGGGGATACAGGCAACAGGGCTAAAAAAGTGGGGCAGACTTGGACATCAAAAG 4559
Dh 5042 CTTTGACGGGGATACAGGCAACAGGGCTAAAAAAGTGGGGCAGACTTGGACATCAAAAG 5101
Qy 4560 TGGGCAACACAGACACCAATTAAGTAACTAACGATTAATACATCGGTGTGTAGCAGAGTACTGA 4619
Dh 5102 TGGGCAACACAGACACCAATTAAGTAACTAACGATTAATACATCGGTGTGTAGCAGAGTACTGA 5161
Qy 4620 TGGCTTCACTGTCAAACTTGGCCAAAGACCTTAACCAATTTTAACAGCTTAATGCAAGTGG 4679
Dh 5162 TGGCTTCACTGTCAAACTTGGCCAAAGACCTTAACCAATTTTAACAGCTTAATGCAAGTGG 5221
Qy 4680 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA 4739
Dh 5222 CACCAAAATTTGATGACAAAGGCGTGTCTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA 5281
Qy 4740 CACCCCTGTGCTAAATGCGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCATCACTAATGTGGG 4799
Dh 5282 CACCCCTGTGCTAAATGCGCAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCATCACTAATGTGGG 5341
Qy 4800 CAAAGGCAACAAAGATACCGA-CGGTGGCAATGTACACAGTAAAGCAAGTACGCAACT 4858
Dh 5342 CAAAGGCAACAAAGATACCGA-CGGTGGCAATGTACACAGTAAAGCAAGTACGCAACT 5401
Qy 4859 TGTGGGCTCTTGTAAATGCTGTGATGATTAACGCTGACGGCAATCAGGTAACATTTGGCG 4918
Dh 5402 TGTGGGCTCTTGTAAATGCTGTGATGATTAACGCTGACGGCAATCAGGTAACATTTGGCG 5461
Qy 4919 ACATCAAAAAAGACCCCAATTCAGGTTATCATCTAACCCGACTGTCAATCAAAAGCAGCA 4978
Dh 5462 ACATCAAAAAAGACCCCAATTCAGGTTATCATCTAACCCGACTGTCAATCAAAAGCAGCA 5521
Qy 4979 CGGACTCTGGGGGTAAAGATTAACGATTAACGAAAAACTTGGCCCTGGGTATATACAG 5038
Dh 5522 CGGACTCTGGGGGTAAAGATTAACGATTAACGAAAAACTTGGCCCTGGGTATATACAG 5581
Qy 5039 TGGGCGTGGATTAAGACGCAACGCTTAACGGCGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCC 5098
Dh 5582 TGGGCGTGGATTAAGACGCAACGCTTAACGGCGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCC 5641
Qy 5099 AAAAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATTAAGCCGCGCAGCTCAGACCAACT 5158
Dh 5642 AAAAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATTAAGCCGCGCAGCTCAGACCAACT 5701
Qy 5159 ATTTGACCAACACCCGCGCAGAGGCAATTTGACAGAAATTAAGAACAGGTTATCCGCTTCT 5218
Dh 5702 ATTTGACCAACACCCGCGCAGAGGCAATTTGACAGAAATTAAGAACAGGTTATCCGCTTCT 5761

Qy 5219 TCCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGTGACAAAGGCGCTTAAGGCAATGACTCAA 5278
Dh 5762 TCCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGTGACAAAGGCGCTTAAGGCAATGACTCAA 5821
Qy 5279 GTGCTCAGGCAACGACTCATGATGCGATAGGTTTCCAGGGCCAAAGGCAAGATGTGAACCG 5338
Dh 5822 GTGCTCAGGCAACGACTCATGATGCGATAGGTTTCCAGGGCCAAAGGCAAGATGTGAACCG 5881
Qy 5339 CCGTTGCCATTAAGCAGACAAACCCAGCAGGCAACCAATCATTCGCTATGGGTATTAACG 5398
Dh 5882 CCGTTGCCATTAAGCAGACAAACCCAGCAGGCAACCAATCATTCGCTATGGGTATTAACG 5941
Qy 5399 CACAAGCCAGGGGATCAATCCATCGCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAGC 5458
Dh 5942 CACAAGCCAGGGGATCAATCCATCGCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAGC 6001
Qy 5459 ACTCTGCTGCCATGCGGAGCCCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTAAGTGGGTA 5518
Dh 6002 ACTCTGCTGCCATGCGGAGCCCAAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTAAGTGGGTA 6061
Qy 5519 ATTAACAACAGTTTACCGATGCGACTCAAAACCGATGTCTTGTGTGGGCAATTAACATCA 5578
Dh 6062 ATTAACAACAGTTTACCGATGCGACTCAAAACCGATGTCTTGTGTGGGCAATTAACATCA 6121
Qy 5579 CCGTGACCGAAAGTAACTCGGTGCTTAAAGTCAAACTGCGCATGAGTCAGGCAACAC 5638
Dh 6122 CCGTGACCGAAAGTAACTCGGTGCTTAAAGTCAAACTGCGCATGAGTCAGGCAACAC 6181
Qy 5639 ACGCAGGCACACAGCCAAATAATCTGACGGCAGCAGCAGAGTACACCAACACAGCAGGTG 5698
Dh 6182 ACGCAGGCACACAGCCAAATAATCTGACGGCAGCAGCAGAGTACACCAACACAGCAGGTG 6241
Qy 5699 CAACGGTAAAGGCTTGTGTGACAAAGGGGGTGTGGCGGTCCGTTGGGTG 5758
Dh 6242 CAACGGTAAAGGCTTGTGTGACAAAGGGGGTGTGGCGGTCCGTTGGGTG 6301
Qy 5759 CCTCAGGTGCTGAACGCCGTATCCAAATGTGGCAGCAGGTCAGTCCACACGCA 5818
Dh 6302 CCTCAGGTGCTGAACGCCGTATCCAAATGTGGCAGCAGGTCAGTCCACACGCA 6361
Qy 5819 CCGATGCGGTAATGTATGACGAGTTGTACAAAGCCACCAAGCATTTGCCAACCAACCA 5878
Dh 6362 CCGATGCGGTAATGTATGACGAGTTGTACAAAGCCACCAAGCATTTGCCAACCAACCA 6421
Qy 5879 ATGAGCTTGACCATGTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGACAGGATTTTCATCAG 5938
Dh 6422 ATGAGCTTGACCATGTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGACAGGATTTTCATCAG 6481
Qy 5939 CGATGGCGATGGGCTCCATGCGCACAAAGCTTCAATTCCTGGCAGATCCATGGTTACGGGG 5998
Dh 6482 CGATGGCGATGGGCTCCATGCGCACAAAGCTTCAATTCCTGGCAGATCCATGGTTACGGGG 6541
Qy 5999 GTATTTGCCACCAACGCGTAAGGTGGGCGGAGTGGGAGTGGGCTGCAAGGCTGTCGATA 6058
Dh 6542 GTATTTGCCACCAACGCGTAAGGTGGGCGGAGTGGGAGTGGGCTGCAAGGCTGTCGATA 6601
Qy 6059 ATGTCATTAAGGTAATTAATTAATCAATGTTTCAAGCCGATTAACCAAGGCGCATAGGGCGG 6118
Dh 6602 ATGTCATTAAGGTAATTAATTAATCAATGTTTCAAGCCGATTAACCAAGGCGCATAGGGCGG 6661
Qy 6119 CAGTTGGTGCAGGTTTTCATTTT 6141
Dh 6662 CAGTTGGTGCAGGTTTTCATTTT 6684

RESULT 6
AX079914 5976 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
LOCUS AX079914
DEFINITION Sequence 2 from Patent WO0107619.
ACCESSION AX079914
VERSION AX079914.1 GI:13159437
KEYWORDS

SOURCE Moraxella catarrhalis.
 ORGANISM Moraxella catarrhalis
 Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
 Moraxella.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 5976)
 AUTHORS Loomore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.
 TITLE Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of
 Moraxella
 JOURNAL Patent: WO 0107619-A 2 01-FEB-2001;
 CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
 FEATURES
 source 1..5976
 /organism="Moraxella catarrhalis"
 /db_xref="taxon:480"
 BASE COUNT 1972 a 1360 c 1355 g 1289 t
 ORIGIN
 Query Match 97.3%; Score 5976; DB 6; Length 5976;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
 Matches 5976; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 946 ACGAAGCGGGTCCACTTTCATGGTAGTAACCTATCAAAAGTAATCATCAATGTC 1005
 |||||
 DB 781 ACGAAGCGGGTCCACTTTCATGGTAGTAACCTATCAAAAGTAATCATCAATGTC 840
 QY 1006 GGTGACGGTGTAAATAAACCAGATGCGGTCAATGTGGCAGAGCTAGAACGGGTGTGAAG 1065
 |||||
 DB 841 GGTGACGGTGTAAATAAACCAGATGCGGTCAATGTGGCAGAGCTAGAACGGGTGTGAAG 900
 QY 1066 TGGGCTAAGAGCGGTGAATTAATTTTCAGGGGTGATGATACAGTACTGACGTAAAAATA 1125
 |||||
 DB 901 TGGGCTAAGAGCGGTGAATTAATTTTCAGGGGTGATGATACAGTACTGACGTAAAAATA 960
 QY 1126 GGTGGATTAATCTTAACTATTAAAGGTGGCAGAGCAACCAACCATTAACCGTAAT 1185
 |||||
 DB 961 GGTGGATTAATCTTAACTATTAAAGGTGGCAGAGCAACCAACCATTAACCGTAAT 1020
 QY 1186 AATATGCGTGTGTAAAGAGCGTGATTAATAGTGTCTGAAAGTTAACTTGTCTAAAGT 1245
 |||||
 DB 1021 AATATGCGTGTGTAAAGAGCGTGATTAATAGTGTCTGAAAGTTAACTTGTCTAAAGT 1080
 QY 1246 TTAAACATCTTACTGAGGTGAATACACTACTTTAAATGCCAACACACAGTTAAGGTA 1305
 |||||
 DB 1081 TTAAACATCTTACTGAGGTGAATACACTACTTTAAATGCCAACACACAGTTAAGGTA 1140
 QY 1306 GGTAGTAGTAGTACTACAGCTGAATTAATGATAGTTAATACCTTACCCAGGCC 1365
 |||||
 DB 1141 GGTAGTAGTAGTACTACAGCTGAATTAATGATAGTTAATACCTTACCCAGGCC 1200
 QY 1366 AATACAGGAGCTCAAGACCAACCAACCGTCTATGGCGTTAATGGGGTGAAGTTTACT 1425
 |||||
 DB 1201 AATACAGGAGCTCAAGACCAACCAACCGTCTATGGCGTTAATGGGGTGAAGTTTACT 1260
 QY 1426 AATATGCGAANAACAACAGCAGCAATCGCAGTCTCTTTACGAGATTAATTTGGC 1485
 |||||
 DB 1261 AATATGCGAANAACAACAGCAGCAATCGCAGTCTCTTTACGAGATTAATTTGGC 1320
 QY 1486 TTTGCTCGAGATGGTATGTTGATGAANAACAAGCCACATTTTGGATAAAAACAATT 1545
 |||||
 DB 1321 TTTGCTCGAGATGGTATGTTGATGAANAACAAGCCACATTTTGGATAAAAACAATT 1380
 QY 1546 AAGTGGGTAGTGTTCATTAACCATAGAACATGGCATTTGATGACAGTAATAAAGATC 1605
 |||||
 DB 1381 AAGTGGGTAGTGTTCATTAACCATAGAACATGGCATTTGATGACAGTAATAAAGATC 1440
 QY 1606 AGTAATCTTGCCAAAGGTAGCAGTGTACAGATGCGGTTTACATCGAACAGCTCAAGGC 1665
 |||||
 DB 1441 AGTAATCTTGCCAAAGGTAGCAGTGTACAGATGCGGTTTACATCGAACAGCTCAAGGC 1500
 QY 1666 GCCAAGCTTCTTAAACGAGCGGTGGCATAGTGTACACCTTACTGAAATATCAGTT 1725
 |||||
 DB 1501 GCCAAGCTTCTTAAACGAGCGGTGGCATAGTGTACACCTTACTGAAATATCAGTT 1560
 QY 1726 GATGCTAAGAGTGGCAATGTTTACCGCCCAACTTACAACTTGGCGTGAANAACACCGAG 1785
 |||||
 DB 1561 GATGCTAAGAGTGGCAATGTTTACCGCCCAACTTACAACTTGGCGTGAANAACACCGAG 1620
 QY 1786 CTTAAGAGTATGGCACTAGTATTAATTTAGTGTTAAGGTAGTGTACGAACAATATG 1845
 |||||
 DB 1621 CTTAAGAGTATGGCACTAGTATTAATTTAGTGTTAAGGTAGTGTACGAACAATATG 1680
 QY 1846 TTAGTTACGCGCAACATTTGGCAGCTATCTAAATGAATCAATGAGCGGTGACAGT 1905
 |||||
 DB 1681 TTAGTTACGCGCGCAACATTTGGCAGCTATCTAAATGAATCAATGAGCGGTGACAGT 1740
 QY 1906 GCTCTCAAAAGCTTACCGTTAAAGAAAGAGAGATGATGACGCCAAGCTATCACCGTG 1965
 |||||
 DB 1741 GCTCTCAAAAGCTTACCGTTAAAGAAAGAGAGATGATGACGCCAAGCTATCACCGTG 1800
 QY 1966 GCTAAGATACGCAAAAAAATGCGGCGCAGTACAGATCTTAAACTCAAAAGTAAAAAC 2025
 |||||
 DB 1801 GCTAAGATACGCAAAAAAATGCGGCGCAGTACAGATCTTAAACTCAAAAGTAAAAAC 1860
 QY 2026 GGTCTAACGGTGTCTACCAAAAAAGATGTAGCGTTACCTTTGGCGTTACCAAGATAGC 2085

Db	1861	GGCTGAACGGTTCGTACCAAAAAGATGGTACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAAAGATAGC	1920
Qy	2086	GGCTGACCACTTTGGCAAAAAGCACCCCTTAACCAACGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAC	2145
Db	1921	GGCTGACCACTTTGGCAAAAAGCACCCCTTAACCAACGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAC	1980
Qy	2146	GAACAATCCCAAGTCGGTGTATATGGCATTAAATTTACTAATGTGAATGAGTAGTAATCCA	2205
Db	1981	GAACAATCCCAAGTCGGTGTATATGGCATTAAATTTACTAATGTGAATGAGTAGTAATCCA	2040
Qy	2206	GGTACTGGCATTGCAAAATACCGCTCCCATTTACCAAGATAAAAATGGCTTGCTGGTTCT	2265
Db	2041	GGTACTGGCATTGCAAAATACCGCTCCCATTTACCAAGATAAAAATGGCTTGCTGGTTCT	2100
Qy	2286	GATGGTCGACTGTGTACAAACAACTTATCTTGATCAAGACAGCTCAAGTTGGCAAT	2325
Db	2101	GATGGTCGACTGTGTACAAACAACTTATCTTGATCAAGACAGCTCAAGTTGGCAAT	2160
Qy	2326	GTTAAGATTACCAACACTGGCATTAAACGAGGTGGTAAAGCCATCACAGGGCTGTCCCA	2385
Db	2161	GTTAAGATTACCAACACTGGCATTAAACGAGGTGGTAAAGCCATCACAGGGCTGTCCCA	2220
Qy	2386	ACACTGCCATAGCACTTGGCCGATCAAAAGTAGCCGACACATAGAATGGCAATACATCCAA	2445
Db	2221	ACACTGCCATAGCACTTGGCCGATCAAAAGTAGCCGACACATAGAATGGCAATACATCCAA	2280
Qy	2446	GACAAAGCAAAATCAACGGCTGGCAGCATTAATGATATATTAAATACAGGCTTTAACCTA	2505
Db	2281	GACAAAGCAAAATCAACGGCTGGCAGCATTAATGATATATTAAATACAGGCTTTAACCTA	2340
Qy	2506	AAAAATTAATACAAACCCCATTTGACTTGTCTCACCATTATGACATTTGTACTTTGCCAT	2565
Db	2341	AAAAATTAATACAAACCCCATTTGACTTGTCTCACCATTATGACATTTGTACTTTGCCAT	2400
Qy	2566	GGCAATGGCACACCGCCACAGTAACCCAGTACCGGTACACAAAACCAAGTAAGTGTGA	2625
Db	2401	GGCAATGGCACACCGCCACAGTAACCCAGTACCGGTACACAAAACCAAGTAAGTGTGA	2460
Qy	2626	TATGATGTGAATGTGATGTATACACCCATTGATCTAACAGGACGTGATGACATTAATAAA	2685
Db	2461	TATGATGTGAATGTGATGTATACACCCATTGATCTAACAGGACGTGATGACATTAATAAA	2520
Qy	2686	CTTGGCGTCAAAACCCACCAACGTAACAAACAGTGAATGATATACAGCACTAAC	2745
Db	2521	CTTGGCGTCAAAACCCACCAACGTAACAAACAGTGAATGATATACAGCACTAAC	2580
Qy	2746	TTTATATGTTAACTAGTGTGAAGATGGCCCTGTTTAACGCCAAAGACATGCGCGAAAT	2805
Db	2581	TTTATATGTTAACTAGTGTGAAGATGGCCCTGTTTAACGCCAAAGACATGCGCGAAAT	2640
Qy	2806	CTAAACACCCCTAGCCACAGAAATTCACACCACAAAGCACAGACACCGCCCTACAA	2865
Db	2641	CTAAACACCCCTAGCCACAGAAATTCACACCACAAAGCACAGACACCGCCCTACAA	2700
Qy	2866	ACCTTACCCTTAATAAAGTAGTAAGTAATAATATGATGATGACGACCAAGCCCTACCC	2925
Db	2701	ACCTTACCCTTAATAAAGTAGTAAGTAATAATATGATGATGACGACCAAGCCCTACCC	2760
Qy	2926	GTTGGTCAAAAAGACGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCTTAACACTCAAAAGTGAANAACGGT	2985
Db	2761	GTTGGTCAAAAAGACGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCTTAACACTCAAAAGTGAANAACGGT	2820
Qy	2986	CTTAATATTTAAACCGACAAATAATGGTAGCGTTACCTTTGGCATTTACACCAAGCGGT	3045
Db	2821	CTTAATATTTAAACCGACAAATAATGGTAGCGTTACCTTTGGCATTTACACCAAGCGGT	2880
Qy	3046	CTTAAGCGCGCAAAAGACGCTTAACAGAGGTGGCTGTGCTATTATTAATAACCCCACTGCT	3105
Db	2881	CTTAAGCGCGCAAAAGACGCTTAACAGAGGTGGCTGTGCTATTATTAATAACCCCACTGCT	2940
Qy	3106	AGCGAAACAATTCAAAGTCGTGCTGATGCGGTGAAGTTTGGCAAGTTTAATTAATGCT	3165

Db	2941	AGCACAACAAATTCACAGTCGCTGATGGCGTGAAGATTGCCAAGCTTAATAATATGCT	3000
Qy	3166	GTTTATAGTCTGGCATTTGATGSCACAACCTGCTATTACAGAGATGAANAATGGCTTTACT	3225
Db	3001	GTATTAGTCTGTGCATTTGATGGCACACCTGCTATTACAGAGATGAANAATGGCTTTACT	3060
Qy	3226	GGGACTAATGGCTACTTGTGATTAAGCAAAACCCCACTAAGCAAAAGCGGATTAAGCA	3285
Db	3061	GGGACTAATGGCTACTTGTGATTAAGCAAAACCCCACTAAGCAAAAGCGGATTAAGCA	3120
Qy	3286	GGTGGTAAAAAGATTACCAACATTCATCAGGTGAGATTGCCAAACAGCATGATGCT	3345
Db	3121	GGTGGTAAAAAGATTACCAACATTCATCAGGTGAGATTGCCAAACAGCATGATGCT	3180
Qy	3346	GTGACAGCGCGCAAGATTATGATTTAAAAACCGAAGCTGAANAACAAATCAGCACT	3405
Db	3181	GTGACAGCGCGCAAGATTATGATTTAAAAACCGAAGCTGAANAACAAATCAGCACT	3240
Qy	3406	GCCAAAACAGCACAAAACCTCATTAACAGAAATTTCTAGTACGATGAACAGATATATAC	3465
Db	3241	GCCAAAACAGCACAAAACCTCATTAACAGAAATTTCTAGTACGATGAACAGATATATAC	3300
Qy	3466	TTTACGGTTAGTAAACCTTCTCTCAGTTATGACACCTCAACACCTCGATGTCATCAC	3525
Db	3301	TTTACGGTTAGTAAACCTTCTCTCAGTTATGACACCTCAACACCTCGATGTCATCAC	3360
Qy	3526	TTTGACAGTGAACAGGCAATTACCAACAGTAATAAAGGTGTGGTGGCTGGCAATT	3585
Db	3361	TTTGACAGTGAACAGGCAATTACCAACAGTAATAAAGGTGTGGTGGCTGGCAATT	3420
Qy	3586	GACCAACCAAGGCTTATACACAGCGCTAACCTGACCTGAGGATATATATATGCAAAAGC	3645
Db	3421	GACCAACCAAGGCTTATACACAGCGCTAACCTGACCTGAGGATATATATATGCAAAAGC	3480
Qy	3646	ATTGTCATTGACACCCCAAAATGTCAAAATATACCATCAGACGACTAAGCAACCTGACT	3705
Db	3481	ATTGTCATTGACACCCCAAAATGTCAAAATATACCATCAGACGACTAAGCAACCTGACT	3540
Qy	3706	AATGTTACCAATGATTAAGGTAGCTGACGACACAGAAACAGGCAATTAATCAAAAGC	3765
Db	3541	AATGTTACCAATGATTAAGGTAGCTGACGACACAGAAACAGGCAATTAATCAAAAGC	3600
Qy	3766	GAAGCAAAACCCCGTGCAGCGCAGCATTTGTGATGTCCTAAGCGCAGGCTTAACTTGCNA	3825
Db	3601	GAAGCAAAACCCCGTGCAGCGCAGCATTTGTGATGTCCTAAGCGCAGGCTTAACTTGCNA	3660
Qy	3826	GGCAATGCTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCATGGC	3888
Db	3661	GGCAATGCTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCATGGC	3720
Qy	3886	AATGCGCACCGCGTAAAGGTGACCTATGATGATGACACAAGCAAAACCGTAAAGTGGCTAT	3945
Db	3721	AATGCGCACCGCGTAAAGGTGACCTATGATGATGACACAAGCAAAACCGTAAAGTGGCTAT	3780
Qy	3946	GATGTCATATGATGATATACAAACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAACTTGGCTAAAAAC	4005
Db	3781	GATGTCATATGATGATATACAAACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAACTTGGCTAAAAAC	3840
Qy	4006	ACCACATTGACCACTACTGCGCACAGGTGCTAATTAATTTGGCCTAAGCAATCAAGCTACT	4065
Db	3841	ACCACATTGACCACTACTGCGCACAGGTGCTAATTAATTTGGCCTAAGCAATCAAGCTACT	3900
Qy	4066	GGCGATGTGGCTTTGTCACAGGCGCAGTATGATGGTGTCTCATTTAAACCTTATCTGGCGAC	4122
Db	3901	GGCGATGTGGCTTTGTCACAGGCGCAGTATGATGGTGTCTCATTTAAACCTTATCTGGCGAC	3960
Qy	4126	ATTCAAACTGCAAAAGGGGCGAAGCCAAAGCAACACTCAGCAGGCTATGTGATGCTGAT	4185
Db	3961	ATTCAAACTGCAAAAGGGGCGAAGCCAAAGCAACACTCAGCAGGCTATGTGATGCTGAT	4020
Qy	4186	GGCAATTAAGGTCATCTATGACAGTACCGATATACAAAGTACTATCAACCCAAAATGATGGC	4245
Db	4021	GGCAATTAAGGTCATCTATGACAGTACCGATATACAAAGTACTATCAACCCAAAATGATGGC	4080

CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)									
FEATURES		Location/Qualifiers							
source		1. .6259 /organism="Moraxella catarrhalis" /db_xref="taxon:480" Matches 5975; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;							
BASE COUNT		2067 a 1414 c 1393 g 1385 t							
ORIGIN									
Query Match	97.3%;	Score 5975;	DB 6;	Length 6259;					
Best Local Similarity	100.0%;	Pred. No. 0;							
Matches 5975;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 0;	Gaps 0;					
Oy	167	TCATCGGTCACACGCTCAGTCAGTCAGTCGCTTATGCTCAAAAAAAAAAAGATACCAACATATCG	226						
Db	2	TCATCGGTCACACGCTCAGTCAGTCAGTCGCTTATGCTCAAAAAAAAAAAGATACCAACATATCG	61						
Oy	227	CAATTGGTGAAACAAACCGACCAAGACGCTCAGCAGCTCCCAAGCGGAGCGGTATCCAG	286						
Db	62	CAATTGGTGAAACAAACCGACCAAGACGCTCAGCAGCTCCCAAGCGGAGCGGTATCCAG	121						
Oy	287	CCATTGCTTTGGTGAAATGCTAACGGCCACAGGGGGGTCAACCCATCCGCTCGGTAGTA	346						
Db	122	CCATTGCTTTGGTGAAATGCTAACGGCCACAGGGGGGTCAACCCATCCGCTCGGTAGTA	181						
Oy	347	GTAATAAACTGTCAATGAGACAGTTTGGATAGATAGTACGTAACGATCGATCGGCTCAAG	406						
Db	182	GTAATAAACTGTCAATGAGACAGTTTGGATAGATAGTACGTAACGATCGATCGGCTCAAG	241						
Oy	407	AGTCCTCGCCCATCGGTGGTGTATGTAAGGGTATGGTGATGCTCGTGCATCGGTA	466						
Db	242	AGTCCTCGCCCATCGGTGGTGTATGTAAGGGTATGGTGATGCTCGTGCATCGGTA	301						
Oy	467	GTGATGACTTACATTTGGCTTGGATCAGACAGTATCTTAACATCCGAAGGTACTCTGA	526						
Db	302	GTGATGACTTACATTTGGCTTGGATCAGACAGTATCTTAACATCCGAAGGTACTCTGA	361						
Oy	527	TTAAGCATCTTATTAAAGCCCATGCAGTATTTAAAGAAATACGAGCTCAAAAGATATG	586						
Db	362	TTAAGCATCTTATTAAAGCCCATGCAGTATTTAAAGAAATACGAGCTCAAAAGATATG	421						
Oy	587	ATGTAATAATATAGACGACAAACCGCAAGGGGACACCCGATCTGCAAGTGGAGCCATGT	646						
Db	422	ATGTAATAATATAGACGACAAACCGCAAGGGGACACCCGATCTGCAAGTGGAGCCATGT	481						
Oy	647	CATATGCACAGGCTCATTTTTCCACAGCCTTTGGTACAGGGGACACAGCTAAAGTGCCCT	706						
Db	482	CATATGCACAGGCTCATTTTTCCACAGCCTTTGGTACAGGGGACACAGCTAAAGTGCCCT	541						
Oy	707	ATTTCCTGGCAGTGGGCTCTGCGCCACAGCCGAGGGGCCAATCTACAAATCGCTATTGGTT	766						
Db	542	ATTTCCTGGCAGTGGGCTCTGCGCCACAGCCGAGGGGCCAATCTACAAATCGCTATTGGTT	601						
Oy	767	CTGATGCACATCTAGCTCGTGGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAAGTACTCGTGCTCAGC	826						
Db	602	CTGATGCACATCTAGCTCGTGGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAAGTACTCGTGCTCAGC	661						
Oy	827	TACAGGGCAGTATTTGCCCTAGGTCAAGGCTCTGTGTCACTCAGAGATAAATATCTTA	886						
Db	662	TACAGGGCAGTATTTGCCCTAGGTCAAGGCTCTGTGTCACTCAGAGATAAATATCTTA	721						
Oy	887	GACCGGCTTATACACCAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATA	946						
Db	722	GACCGGCTTATACACCAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATA	781						
Oy	947	CGAAGCGGGCTCCACTTTCATTTGGTATGTAACCTTATCAAAAGTAAATATATCAATGTG	1006						
Db	782	CGAAGCGGGCTCCACTTTCATTTGGTATGTAACCTTATCAAAAGTAAATATATCAATGTG	841						
Oy	1007	GTGAGGTGTTTAATAAACCGATCGGCTCAATGGGACAGCTAGAAAGCGGTGGTGAAGT	1066						
Db	842	GTGAGGTGTTTAATAAACCGATCGGCTCAATGGGACAGCTAGAAAGCGGTGGTGAAGT	901						
Oy	1067	GGCGTAAGGAGCGTAGAATTACTTTTCAGGGGTGATGATAACAGTACTGACGTAAAAATAG	1126						

Db	902	GGGCTAAGGACGTAGATATTTACTTTTAGGGTATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATAG	961
Qy	1127	GTTTGGATAATACCTTTAACTATTAAGGTGGTGACAGAACCAACGATTAAACGATATA	1186
Db	962	GTTTGGATAATACTTTTAACCTATTAAGGTGGTGACAGAACCAACGCTTAACCGATATA	1021
Qy	1187	ATATCGGTGTGTAAAGAGGCTATATATGTGTCTGAAGATTAAACCTGTAAAACTT	1246
Db	1022	ATATCGGTGTGTAAAGAGGCTATATATGTGTCTGAAGATTAAACCTGTAAAACTT	1081
Qy	1247	TAAACAATCTTACGTAGGTGAATACAACCTACATTAAATGCCACAACCAAGTTAAGGTAG	1306
Db	1082	TAAACAATCTTACGTAGGTGAATACAACCTACATTAAATGCCACAACCAAGTTAAGGTAG	1141
Qy	1307	GTAGTAGTAGTAGTACTACACTGAATTTATGAGTGAATTTAAGTTAACCTTAACGAGCCA	1366
Db	1142	GTAGTAGTAGTAGTACTACACTGAATTTATGAGTGAATTTAAGTTAACCTTAACGAGCCA	1201
Qy	1367	ATACAGGACGTCAAAAGCAAGCAAAACCCGTATGGCGTTAATGGGTGAAGTTTACTA	1426
Db	1202	ATACAGGACGTCAAAAGCAAGCAAAACCCGTATGGCGTTAATGGGTGAAGTTTACTA	1261
Qy	1427	ATAATGCAAAACAACACACGACATCGGCACTACTCGTATTACAGAGTTAAATTTGGCT	1486
Db	1262	ATAATGCAAAACAACACACGACATCGGCACTACTCGTATTACAGAGTTAAATTTGGCT	1321
Qy	1487	TTGCTCGAGATGGTATGTTATGATGAAGAAACAAGCAACATATTGGATTAAMAAACAACCTTA	1546
Db	1322	TTGCTCGAGATGGTATGTTATGATGAAGAAACAAGCAACATATTGGATTAAMAAACAACCTTA	1381
Qy	1547	AAAGGGTAGTGTTCGAATTAACATAGACAATGGCATTGATGACAGTTATTAAGATATCA	1606
Db	1382	AAAGGGTAGTGTTCGAATTAACATAGACAATGGCATTGATGACAGTTATTAAGATATCA	1441
Qy	1607	GTAATCTTCCCAAGAGTATGACAGTGTATACAGATGGCGTTACCATGGAACAGCTCAAAAGCG	1666
Db	1442	GTAATCTTCCCAAGAGTATGACAGTGTATACAGATGGCGTTACCATGGAACAGCTCAAAAGCG	1501
Qy	1667	CCAAGCTACTTTAAACGACAGGCGCTGGCATCAGTGTACACACTATCTGAATATACAGTTG	1726
Db	1502	CCAAGCTACTTTAAACGACAGGCGCTGGCATCAGTGTACACACTATCTGAATATACAGTTG	1561
Qy	1727	ATGCTATAGAGTGGCAATGTTACCGGCCCAACTTACAACATTGGCGGTGAAGAAACCAACGAGC	1786
Db	1562	ATGCTATAGAGTGGCAATGTTACCGGCCCAACTTACAACATTGGCGGTGAAGAAACCAACGAGC	1621
Qy	1787	TTAACAGTATGGCACTAGTATTAATTTAGTTTAAGGGTAGTGTACGAAACAATAGCT	1846
Db	1622	TTAACAGTATGGCACTAGTATTAATTTAGTTTAAGGGTAGTGTACGAAACAATAGCT	1681
Qy	1847	TAGTTACCGCCGCAACTTTGGCAGGTATCTAAATGAAGTCAATGCAACGCGCTGCAAGT	1906
Db	1682	TAGTTACCGCCGCAACTTTGGCAGGTATCTAAATGAAGTCAATGCAACGCGCTGCAAGT	1741
Qy	1907	CTCTACAAGCTTTACCGTTAAAGAGAAGACGATGATGACGCCAAGCTATCACCGTGG	1966
Db	1742	CTCTACAAGCTTTACCGTTAAAGAGAAGACGATGATGACGCCAAGCTATCACCGTGG	1801
Qy	1967	CTTAAGATACGACAAAAAATGGCCGGCGAGTACGATCTTAAGACTCAAAAGTAAAAACG	2026
Db	1802	CTTAAGATACGACAAAAAATGGCCGGCGAGTACGATCTTAAGACTCAAAAGTAAAAACG	1861
Qy	2027	GCTTAACGCTTGTATACCAAAAAAGATGTATGCTTTGGCGTTAGCCAAAGTATACG	2086
Db	1862	GCTTAACGCTTGTATACCAAAAAAGATGTATGCTTTGGCGTTAGCCAAAGTATACG	1921
Qy	2087	GTCGTACCATTTGGCAAAAGCACCTTAACAACAGATGTGCTTGACTGTAAAGTTACCAAG	2146
Db	1922	GTCGTACCATTTGGCAAAAGCACCTTAACAACAGATGTGCTTGACTGTAAAGTTACCAAG	1981
Qy	2147	AACAATTCGAAGTCGGGTGAATGAGATTAAATTTCTAATGTGAATGTATTAATTCAG	2206

Db 1982 AACAAATCAAGTCGTCATGTCATTAATTACTAATGTGAATGTAATCCAG 2041
Oy 2207 GTACTGGATTGCAAAATCCCTCGCATTTACAGAGATAAATGGCTTTCGTCTG 2266
Db 2042 GTACTGGATTGCAAAATCCCTCGCATTTACAGAGATAAATGGCTTTCGTCTG 2101
Oy 2267 ATGTCGAGTTGATACAAACAAACCTTATCTGATCAAGACAGCTACAGTTGGCAATG 2326
Db 2102 ATGTCGAGTTGATACAAACAAACCTTATCTGATCAAGACAGCTACAGTTGGCAATG 2161
Oy 2327 TTAAGATTACCAACACTGGCATTTAAGCAGGTGGTAAAGCCATCCAGGCTTCCCAA 2386
Db 2162 TTAAGATTACCAACACTGGCATTTAAGCAGGTGGTAAAGCCATCCAGGCTTCCCAA 2221
Oy 2387 CACGCGCAGATTCGCGATGAAGTACCGGCACATGAGTACCTGGGCAATCAATCCAG 2446
Db 2222 CACGCGCAGATTCGCGATGAAGTACCGGCACATGAGTACCTGGGCAATCAATCCAG 2281
Oy 2447 ACAAGACAATCCAAACGCTCGCAGCATTAATGATATTAATACAGGCTTTAACTAA 2506
Db 2282 ACAAGACAATCCAAACGCTCGCAGCATTAATGATATTAATACAGGCTTTAACTAA 2341
Oy 2507 AAAATTAATACACCCCACTTGTCTCCACTTATGACATTTGTGACCTTGGCAATG 2566
Db 2342 AAAATTAATACACCCCACTTGTCTCCACTTATGACATTTGTGACCTTGGCAATG 2401
Oy 2567 GCATGCGCACCGCCGACATTAACCCATGATACCGCTTAACAAAACCGTAAAGGTAT 2626
Db 2402 GCATGCGCACCGCCGACATTAACCCATGATACCGCTTAACAAAACCGTAAAGGTAT 2461
Oy 2627 ATGATGTAATGTGGATGATACAAACCATTTCACTTAACAGGACTGATACATAAATAAC 2686
Db 2462 ATGATGTAATGTGGATGATACAAACCATTTCACTTAACAGGACTGATACATAAATAAC 2521
Oy 2687 TTGGCGTCAAAACCAACCAACTGAACAAACAGTGTATGATGTAACAGCACTAACT 2746
Db 2522 TTGGCGTCAAAACCAACCAACTGAACAAACAGTGTATGATGTAACAGCACTAACT 2581
Oy 2747 TTAATGTTAACTGATGATGAAGTGGCCCTGTTAAGCCAAAGACATCCGCGAAATC 2806
Db 2582 TTAATGTTAACTGATGATGAAGTGGCCCTGTTAAGCCAAAGACATCCGCGAAATC 2641
Oy 2807 TTAACACCCCTAGCCAAAGAAATTCACACACCAACAAAGGACAGACACCGCCCTACAA 2866
Db 2642 TTAACACCCCTAGCCAAAGAAATTCACACACCAACAAAGGACAGACACCGCCCTACAA 2701
Oy 2867 CCTTACCCTTAAAGAGTGAATGAATTAATGCTGATGACGCCAAGCCATCACCG 2926
Db 2702 CCTTACCCTTAAAGAGTGAATGAATTAATGCTGATGACGCCAAGCCATCACCG 2761
Oy 2927 TTGGTCAAAAGACGCAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACAAGTGAAGAGGTC 2986
Db 2762 TTGGTCAAAAGACGCAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACAAGTGAAGAGGTC 2821
Oy 2987 TTAATATTAACACGCAAAATATGATGATTAACCTTTGGCATTTAACAACAGCGTTC 3046
Db 2822 TTAATATTAACACGCAAAATATGATGATTAACCTTTGGCATTTAACAACAGCGTTC 2881
Oy 3047 TTAAGCCGCGAAAGCAACCCCTAAACGACGGTGTCTGATTTAAACCCCACTGGTA 3106
Db 2882 TTAAGCCGCGAAAGCAACCCCTAAACGACGGTGTCTGATTTAAACCCCACTGGTA 2941
Oy 3107 GCGAACAATCCAAAGTGTGCTGTATGGCGTGAAGTTGGCAAGTTATATATGCGT 3166
Db 2942 GCGAACAATCCAAAGTGTGCTGTATGGCGTGAAGTTGGCAAGTTATATATGCGT 3001
Oy 3167 TTGAGGTGCTGCGATTTGATGCAACACTGCATTACCAAGATGAATTTGGCTTTACTG 3226
Db 3002 TTGAGGTGCTGCGATTTGATGCAACACTGCATTACCAAGATGAATTTGGCTTTACTG 3061
Oy 3227 GGACTAATGCTCACTGATTAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAGACGCGATTAAAGCAG 3286
Db 3062 GGACTAATGCTCACTGATTAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAGACGCGATTAAAGCAG 3121

Oy 3287 GTGTAATAAAGATTACCAACATTCATCAGTGAGATTGCCAAACAGCCATGATGCTG 3346
Db 3122 GTGTAATAAAGATTACCAACATTCATCAGTGAGATTGCCAAACAGCCATGATGCTG 3181
Oy 3347 TGACAGGCGGCAAGATTTATGATTTAAACCGAAGCTTGAACAAATCAAGCACTAGT 3406
Db 3182 TGACAGGCGGCAAGATTTATGATTTAAACCGAAGCTTGAACAAATCAAGCACTAGT 3241
Oy 3407 CCAAAACAGCACAAACTCATTTACAGAAATTCAGTAGCAGATGACAGAGTAACTAACT 3466
Db 3242 CCAAAACAGCACAAACTCATTTACAGAAATTCAGTAGCAGATGACAGAGTAACTAACT 3301
Oy 3467 TTAGGTTAGTAACTTACCTTACCTGATTAAGACCTGAAAGCCTTATGTCATCACC 3526
Db 3302 TTAGGTTAGTAACTTACCTTACCTGATTAAGACCTGAAAGCCTTATGTCATCACC 3361
Oy 3527 TTGACAGTGAATAACGCGATTAACACCAAGGTAAATAAGGTGTGGTGTGGCATTG 3586
Db 3362 TTGACAGTGAATAACGCGATTAACACCAAGGTAAATAAGGTGTGGTGTGGCATTG 3421
Oy 3587 ACCAAACCAAGGCTTAAACACGCTTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATGSCAAAGCA 3646
Db 3422 ACCAAACCAAGGCTTAAACACGCTTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATGSCAAAGCA 3481
Oy 3647 TTGTCATTGACAGCCCAAAATGTCAAATTAACATACAGAGCTAAGCAACACTCTAG 3706
Db 3482 TTGTCATTGACAGCCCAAAATGTCAAATTAACATACAGAGCTAAGCAACACTCTAG 3541
Oy 3707 ATGTTACCAATGATTAAGGTAGCGTAGCACACACAGAACAGGCAATTAATCAAAAGC 3766
Db 3542 ATGTTACCAATGATTAAGGTAGCGTAGCACACACAGAACAGGCAATTAATCAAAAGC 3601
Oy 3767 AAGACAAACCCGTCCCGCAGCATTTGTGATGTCTTAAGCGCAGCTTTAACTTGAAG 3826
Db 3602 AAGACAAACCCGTCCCGCAGCATTTGTGATGTCTTAAGCGCAGCTTTAACTTGAAG 3661
Oy 3827 GCAATGTAAGAGCGGTTGACTTGTCTCACCTTAAGACACGCTAACTTTGGCGATGCA 3886
Db 3662 GCAATGTAAGAGCGGTTGACTTGTCTCACCTTAAGACACGCTAACTTTGGCGATGCA 3721
Oy 3887 ATGCCACACCGCTTAAGGTGACCTATGATGACACAAAGCAACAGTAAAGTGTATG 3946
Db 3722 ATGCCACACCGCTTAAGGTGACCTATGATGACACAAAGCAACAGTAAAGTGTATG 3781
Oy 3947 ATGTCATGTTGATATACACCATTTGAAGTTAAAGATTAATAAATCTTGGCGTAAACCA 4006
Db 3782 ATGTCATGTTGATATACACCATTTGAAGTTAAAGATTAATAAATCTTGGCGTAAACCA 3841
Oy 4007 CCACATTTGACGTAACGTCAGGCAAGGTGAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTACTG 4066
Db 3842 CCACATTTGACGTAACGTCAGGCAAGGTGAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTACTG 3901
Oy 4067 GCGATGCGCTTGTCAAGGCGACGATATGCTGCTATCTTAACACCTTATCTGGCGACA 4126
Db 3902 GCGATGCGCTTGTCAAGGCGACGATATGCTGCTATCTTAACACCTTATCTGGCGACA 3961
Oy 4127 TCCAAACTGTCCAAAGGGGCAAGGCAAGCAACTCTGACAGGCTATGTGATGCTGATG 4186
Db 3962 TCCAAACTGTCCAAAGGGGCAAGGCAAGCAACTCTGACAGGCTATGTGATGCTGATG 4021
Oy 4187 GCAATTAAGTCTATCTATGACATACGATTAACAGTATCAAGCCAAATTAATGATGCA 4246
Db 4022 GCAATTAAGTCTATCTATGACATACGATTAACAGTATCAAGCCAAATTAATGATGCA 4081
Oy 4247 CAGTTGATTAATAACCAAGAGTTGCCAAAGACAAATGGTGGCCCAACCCCAACCCAG 4306
Db 4082 CAGTTGATTAATAACCAAGAGTTGCCAAAGAGTGGCCCAACCCCAACCCCAACCCAG 4141
Oy 4307 ATGGCAGATTGGCTCAATGAATGTCAAATCAGTCAATTAACAGACAGCAAGTAAATGATG 4366
Db 4142 ATGGCAGATTGGCTCAATGAATGTCAAATCAGTCAATTAACAGACAGCAAGTAAATGATG 4201


```

QY 4367 CCAATAAAAAGCAAGGCATCATTAAGACAAACCCCTTTGTTAAAGSACTTGAAAAAGCCG 4426
    |||||||
Db 4202 CCAATAAAAAGCAAGGCATCATTAAGACAAACCCCTTTGTTAAAGSACTTGAAAAAGCCG 44261
QY 4427 CTTCGTATTAACAAAACCAAAAGCCGCGACATACTGTGGGTGATTTAAATCCCGTTGCC 4486
    |||||||
Db 4262 CTTCGTATTAACAAAACCAAAAGCCGCGACATACTGTGGGTGATTTAAATCCCGTTGCC 4321
QY 4487 AAMCAGCGGTGACCTTTGCGAGGGGATACAGGCAACGCGCTTAAAAAACTGGCGACATT 4546
    |||||||
Db 4322 AAMCAGCGGTGACCTTTGCGAGGGGATACAGGCAACGCGCTTAAAAAACTGGCGACATT 4381
QY 4547 TGACCATCAAAAGGTGGGCAAAACAGACACACATAAGCTAACCGATTAATACATGGTGTG 4606
    |||||||
Db 4382 TGACCATCAAAAGGTGGGCAAAACAGACACACATAAGCTAACCGATTAATACATGGTGTG 4441
QY 4607 TAGCAGTACTGATGGCTTCACTCTCAAACTTGCCAAAGCCTAACCAATCTTAAACAGC 4666
    |||||||
Db 4442 TAGCAGTACTGATGGCTTCACTCTCAAACTTGCCAAAGCCTAACCAATCTTAAACAGC 4501
QY 4667 TTAATGCGAGTGGGCAACCAATATGATGACAAAGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTC 4726
    |||||||
Db 4502 TTAATGCGAGTGGGCAACCAATATGATGACAAAGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTC 4561
QY 4727 AAGCCAAAGCAAAACCCCTGTCTTAAGTGGCATTTGGGCTGGAGCTGGGTCAGAGGTCA 4786
    |||||||
Db 4562 AAGCCAAAGCAAAACCCCTGTCTTAAGTGGCATTTGGGCTGGAGCTGGGTCAGAGGTCA 4621
QY 4787 TCAGTAATGTGGGCAAAAGGCAAAAGATACGAGCGGTGCCAATGTACAAACGTTAAACG 4846
    |||||||
Db 4632 TCAGTAATGTGGGCAAAAGGCAAAAGATACGAGCGGTGCCAATGTACAAACGTTAAACG 4681
QY 4847 AAGTACGCACTTTGTTGGGCTTGTGTAATGCTGGTAATGATTAACGATACGCAAACTTGGC 4906
    |||||||
Db 4682 AAGTACGCACTTTGTTGGGCTTGTGTAATGCTGGTAATGATTAACGATACGCAAACTTGGC 4741
QY 4907 TAAACATTGGCGACATCAAAAAGACCAATTCAGTTTCATCATCTAACCGCACTGTCA 4966
    |||||||
Db 4742 TAAACATTGGCGACATCAAAAAGACCAATTCAGTTTCATCATCTAACCGCACTGTCA 4801
QY 4967 TCAAAAGCAAGCAGCTTACTTGGCGGTAAAGTAAATACGATTAACGCAAACTTGGC 5026
    |||||||
Db 4802 TCAAAAGCAAGCAGCTTACTTGGCGGTAAAGTAAATACGATTAACGCAAACTTGGC 4861
QY 5027 GTGGTATCAAGTGGGCGGTGATTAAGACGCGCAAGCGTAAAGCGGATTTAAAGCATGTTT 5086
    |||||||
Db 4862 GTGGTATCAAGTGGGCGGTGATTAAGACGCGCAAGCGTAAAGCGGATTTAAAGCATGTTT 4921
QY 5087 GGGTCAAAAACCCAAAAGATGCGACAAAAGAGCCCTGCTGCGCACTTATTAAGCCGCGAG 5146
    |||||||
Db 4922 GGGTCAAAAACCCAAAAGATGCGACAAAAGAGCCCTGCTGCGCACTTATTAAGCCGCGAG 4981
QY 5147 GTACAGACCACTATTGTTGACCAACACCCGCGAGAAAGCATTGACGAATTAATGAACAG 5206
    |||||||
Db 4982 GTACAGACCACTATTGTTGACCAACACCCGCGAGAAAGCATTGACGAATTAATGAACAG 5041
QY 5207 GTATCCGCTTCTTCATGTCAAGATGCAATCAAGAGCCTGTGTACAAAGGCGCTAAGC 5266
    |||||||
Db 5042 GTATCCGCTTCTTCATGTCAAGATGCAATCAAGAGCCTGTGTGTACAAAGGCGCTAAGC 5101
QY 5267 GCATTGACTCAAGTGGCTCAGCAGACACTCAAGTGGCGATTAAGTTTCCAGGCGCAAGCGAG 5326
    |||||||
Db 5102 GCATTGACTCAAGTGGCTCAGCAGACACTCAAGTGGCGATTAAGTTTCCAGGCGCAAGCGAG 5161
QY 5327 ATGGTAAAGCGCGGCTTGGCATTAAGCAAAACCAAGCAGGCAACCAATCATGCGCA 5386
    |||||||
Db 5162 ATGGTAAAGCGCGGCTTGGCATTAAGCAAAACCAAGCAGGCAACCAATCATGCGCA 5221
QY 5387 TCGGTATTAAGCAAGCAGCAGCGGCGATCAATCAATCGGCATCGGTACAGGCAATGTGG 5446
    |||||||
Db 5222 TCGGTATTAAGCAAGCAGCAGCGGCGATCAATCAATCGGCATCGGTACAGGCAATGTGG 5281
QY 5447 TAGCAGTAAAGCACTCTGTGGTCATCGCGCAACCAAGCACTGTTAAAGCGTAAACAGTT 5506

```

```

Db 5282 TAGCAGTAAAGCACTGTGTGCGATCGGCGACCCAGCAAGCATGTTAAAGCTGATTAACACTT 5341
    |||||||
QY 5507 ACAGTGTGGGTAAATAACAACAGTTTACCGATGCGCATCAACACGATCTTTGTGGTGG 5566
    |||||||
Db 5342 ACAGTGTGGGTAAATAACAACAGTTTACCGATGCGCATCAACACGATCTTTGTGGTGG 5401
QY 5567 GCATTAACATCAACCGTGACCCGAAGTAAGTGGTGGCTTGTAGTTGTAACACTGTGCATCA 5626
    |||||||
Db 5402 GCATTAACATCAACCGTGACCCGAAGTAAGTGGTGGCTTGTAGTTGTAACACTGTGCATCA 5461
QY 5627 GTGCAGGCAACAGCAGGCGACACAAAGCCAAAATTTGACGCGACAGCAGGTACACCA 5686
    |||||||
Db 5462 GTGCAGGCAACAGCAGGCGACACAAAGCCAAAATTTGACGCGACAGCAGGTACACCA 5521
QY 5687 CCACAGCAGGTGCAACCGGTAGGTTAAAGGCTTTGCTGTGCAAAACGGGCTTGGTGGG 5746
    |||||||
Db 5522 CCACAGCAGGTGCAACCGGTAGGTTAAAGGCTTTGCTGTGCAAAACGGGCTTGGTGGG 5581
QY 5747 TCTCCGTGGGTGCTCAGAGTGAACGCGCTATCCAAATGTGCGACAGCTGAGTCA 5806
    |||||||
Db 5582 TCTCCGTGGGTGCTCAGAGTGAACGCGCTATCCAAATGTGCGACAGCTGAGTCA 5641
QY 5807 GTGCCACAGCAGCAGTGGGCTCATGTAGCCAGTTGTACAAAGCCCAACCAAGCATG 5866
    |||||||
Db 5642 GTGCCACAGCAGCAGTGGGCTCATGTAGCCAGTTGTACAAAGCCCAACCAAGCATG 5701
QY 5867 CCAAGCAGCAACATGAGCTTGACCATGATATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCCAATGCGAG 5926
    |||||||
Db 5702 CCAAGCAGCAACATGAGCTTGACCATGATATCCACCAAAAGCAAAATTAAGGCCAATGCGAG 5761
QY 5927 GGAATTCATCAGCAGATGCGATGGCGCTCATGCGCACACAGCTTCATCTCGCAGATGCA 5986
    |||||||
Db 5762 GGAATTCATCAGCAGATGCGATGGCGCTCATGCGCACACAGCTTCATCTCGCAGATGCA 5821
QY 5987 TGGTTACCGGGGGGATATGGCCACCAACAGTCAAGTGGCGGTGCGAGTGGACTGTCA 6046
    |||||||
Db 5822 TGGTTACCGGGGGGATATGGCCACCAACAGTCAAGTGGCGGTGCGAGTGGACTGTCA 5881
QY 6047 AGCTGTGGAATATGTCATATGGGTATTTAAATCAATGTTTACGCGATACCGAAGGCC 6106
    |||||||
Db 5882 AGCTGTGGAATATGTCATATGGGTATTTAAATCAATGTTTACGCGATACCGAAGGCC 5941
QY 6107 ATGTAGGGGCGCGATGTGGTGCGAGGTTTCACTTT 6141
    |||||||
Db 5942 ATGTAGGGGCGCGATGTGGTGCGAGGTTTCACTTT 5976
    |||||||

RESULT 8
LOCUS AX079920 6159 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
DEFINITION Sequence 8 from Patent W00107619.
ACCESSION AX079920
VERSION AX079920.1 GI:13159440
KEYWORDS
SOURCE
ORIGIN
Moraxella catarrhalis.
Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
Moraxella catarrhalis.
REFERENCE
1 (bases 1 to 6159)
AUTHORS Loomore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.
TITLE Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of
Moraxella
JOURNAL Patent: WO 0107619-A 8 01-FEB-2001;
CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
FEATURES
source
1..6159
Location/Qualifiers
/organism="Moraxella catarrhalis"
/db_xref="taxon:480"
BASE COUNT 2035 a 1386 c 1385 g 1353 t
ORIGIN
Query Match 66.8%, Score 4101.6; DB 6; Length 6159;

```


Best Local Similarity 81.3%; Pred. No. 0;
Matches 5063; Conservative 0; Mismatches 1009; Indels 156; Gaps 20;

```
OY 1 ATGATATCATCTATTAAGTCTATTTTAACAAAGCCACAGCACAATTTATGCGAGTGGCA 60
Db 1 ATGATATCATCTATTAAGTCTATTTTAACAAAGCCACAGCACAATTTATGCGAGTGG 60
OY 61 GAGTACGCAATATCCACAGCAGCGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGGCAATTTGGCAGT 120
Db 61 GATATATGCCAAATCCACAGTACGCGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGGCAATTTGGCAGT 120
OY 121 GTATGCACTGTGAGCTTTGGCCCGATATGCGCGCTGCTGCTCTGATGCGTCAACG 180
Db 121 GTACACACTCTTAAGCTTTGGCCCGATATGCGCGCTGCTGCTCTGATGCGTCAACG 180
OY 181 CTGATGCGCAGCTGTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCGCAATTTGTGACAA 240
Db 181 CTCAATGGCAGTCTTAATGCTCAAAAAAATACTACCA--AGATGAAAATTTGGTCAAA 237
OY 241 AACCGCCAAAGAGCTC-----AGGCACCTGCCAAGCGGAGGTGATGAGCCATTGCT 294
Db 241 AACCAAGATTAACAAACAGCTGAAGGCGCATGCCCTAGCAGAGGTGAAGCATTCATGCT 297
OY 295 ATTGTGAAAATGCTAACGCGCAGGGCGGTCAAGCCATCGCCATCGGTAGTATATAA 354
Db 298 TTTGGTAGCTTTCTAAGGCAAGGCTCTCAAGCTATGCTATGCGTATGCTCAAAACA 357
OY 355 ACTGTCATGGAAGCAGTTTGTGATTAAGTATGCTACCGATGCTACGGGTCAACAGTCCAT 414
Db 358 GATCTTAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 417
OY 415 GCCATCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 474
Db 418 GCCATCGGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 477
OY 475 TTACATTTGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 534
Db 478 TTATATTTGCTTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 522
OY 535 CTATATTAAGCGCATGCACTATTAATAAGAAATACGAGCTCAAGAGTAAATGATGATAA 594
Db 532 CTATATTAAGCGCATGCACTATTAATAAGAAATACCAACCTCAAGCGTAAATGATAA 582
OY 595 TATAGACGACAAAGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGC 654
Db 593 TATCAGCGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 642
OY 655 CAGGCTCATTTTTCACAGCGCTTTGGTATACAGCGGCAACGCTAAAAGTGCCTATTCCTTG 714
Db 643 CAGGCTCATTTTTCACAGCGCTTTGGTATACAGCGCAGCTGAAGCTGCTATTCCTTG 702
OY 715 GCAGTGGGTCTTGGCCGCCACAGCCGAGGCGCAATCTACATGCTATTTGTTCTGATGCA 774
Db 703 GCAGTGGGTCTTGGCCGCCACAGCCGAGCACAACAACTCTTCAATGCTGTTGTCATGCA 762
OY 775 ACATTAAGCTGTGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAGGATCTGCTGCTAGCTACAGCGGC 834
Db 763 AAAGCTAACGCTTTGCGAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG 822
OY 835 AGTATTTGCCCTAGAGTCAAGGCTCTGTGTCACTCAGAGTGAATTAATTTCTAGACCG--- 891
Db 823 GGCCTTTGCCCTAGAGTCTTGTTCAGATCTTGTAGAGGATTAATTAATACAGTGCAGT 882
OY 892 GCCTTATACCAATAATCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATTAATACGAAG 951
Db 883 GCCTTATGACCACTAGATAAAAGCTTAGCAGACAGATATAAAAGCCGCAAGGCTGAT 942
OY 952 G---CGGCTCACTTTCCATTTGTTAGTA-----CTCTTCAACAGTAA 993
Db 943 TCTACGGATATATTTTCCATTTGTTAGTAAATTAATTAATAGCAGTATCAGCGCTAA 1002
OY 994 ATCATCAATGTGCGTCAAGGTGTTAATAAACGATGCGGTCAATGTGCGACAGCTAGAA 1053
Db 1003 ATCATCAATGTGCGTCAAGGTGTTCTCGAGATACGATGCGGTCAATGTGCGACAGCTAA 1062
OY 1054 GCGGTGAGTAACTGGGCTAAGAGCGTAAATTTACTTTTCAGGCTGATG-----ATAAC 1107
Db 1063 TTGGTGAGAGAACTGGCTA--ATGCTAAATTTACTTTTAAGGGATGATGACAAATAT 1119
OY 1108 ACTTACGAGCTAAATAATAGTTTGGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1167
Db 1120 AGCAATAGCGTAAAGAGGTTTGGCAATTTACTTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1179
OY 1168 AACGATTAACCGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1227
Db 1180 AACGATTAACCGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1233
OY 1228 GTTAAATCTGTTAAACTTTTAACAATCTTACTGAGGTGAATTAACAATTAATTAATTA 1287
Db 1234 GTTAAATCTGTTAAAGCTGACTGATGATGACAGCTGTCTC-----GCT 1278
OY 1288 ACAACACAGTTAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1347
Db 1279 ACCAACAAATATCCGTTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1338
OY 1348 TTACCTTTACCCAGCCCAATACAGGCACTCAAGCACAAGCAAAACGTTATGCGCTT 1407
Db 1339 TTGACCTTTAGCC-----CAATTAACAGGTACAAAAACAGATTAACCCGTTACAGCAT 1392
OY 1408 AATGGGTAACTTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1467
Db 1393 GATGATTAAGTTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1452
OY 1468 ACCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1527
Db 1453 ACCAAATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1512
OY 1528 TTGATTAATAAACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1587
Db 1513 CTGTAACAAAGCAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1572
OY 1588 GCAGTAAATAAAGATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1647
Db 1573 AATTAACCAAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1632
OY 1648 ATCAACAGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1707
Db 1633 GTGCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1692
OY 1708 CCTACTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1765
Db 1693 AAAATTTGTTTGTGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1752
OY 1766 -----TTGGGTGAACCAACCGAGCTTAACAGTGAATGAGCACTAGTATAATTTACT 1818
Db 1753 GAACGACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1812
OY 1819 GTTAAAGTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1878
Db 1813 CACAGATTAACCGGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1872
OY 1879 AATGAATCAATGAAGCGCTGACAGTGTCTTAACAAGCTTAACGTTAAAGAAGAAGAC 1938
Db 1873 CTCAAGTGAAGCGCAAGCTTCTTAACGAGGAGATGAGCATGATTAATTAATTAATTAAC 1932
OY 1939 GATGATGAGC-----CCAAGCTTACACCGTGGCT 1968
Db 1933 GGGGATCTAGTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1992
OY 1969 AAAATGATCAACAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2028
Db 1993 ACCACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2052
OY 2029 CTAAAGTGTCAACAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2088
Db 2053 CATGATTAACAAATAGCTTACTTACCGCAAAAGATTTGGCAGACTATCTAATTAATTAAT 2112
```

Oy	2089	CTGACCATTGGCAAAAGCACACCTTAAACAACATGCGTGCTGACTGTTAAGAATTCACAACGA	2148
Db	2113	GAAACGGCGTGACAGTGCCTCTTACCAAGCTTTAAAGTCCAAAACGGGTGATTAATGCAACAC	2172
Oy	2149	CAAATCCAAAGTCGGTGCCTAATGCGCATTTAAATTTACTTAATGTGAAGTAGTAATCAGGT	2208
Db	2173	GCCATTCACCGTGGGTAAAGATACAAACGGCAGACACTTCAACACTTAAACTCAAAGT	2232
Oy	2209	ACTGGCAATTGCCAATPACCGCTCGCATTA---CCAGAGATAAAATTGGCTTCTGCTGTTCT	2265
Db	2233	GAAAAACGGGTGTTAAATATTACGACCAATATAGCCACAGGTACGTTAACCTTGGCATTTGAC	2292
Oy	2266	GATGGCGAGTTGGATTC-----A AACCAACTTATCTTGTGAATCAAGACMACTTA--CA	2316
Db	2293	CAAAGTAATGCTCTCACACGCGCTAAGCTGACCGTGGTAGCGGATACAAATGTTATGCA	2352
Oy	2317	GTTGGCAATGTTAAGATTACCAACACTGGCATTTAACGCGGTGGTTAAAGCATACAGGG	2376
Db	2353	TTCGTTATTAGACAAATCCCTAGCGCTGACGGTAACAGCACCAAAAACATCTTAAAGGA	2412
Oy	2377	CTGTCCCCCAACCTGCGTGCAGANTGGCGATTCAAAGTAGGCGCAACTATACCTGGGCAT	2436
Db	2413	TTCGTCCCACACTGCTCTGACATGTGCAGTCCAAAGTGGCCGACACATPACACTGGGCAT	2472
Oy	2437	ACAAATCCAGACAAACAAATCCAACGCTGCCAGCATTAATGATATTAAATACAGC	2496
Db	2473	ACAAATCGAAGAAAAGACAAATCCAACGCTGCCAGCATTAATGATATTAAATGCAAGC	2532
Oy	2497	TTTTAACCTTAAAAATTAATAACAACCCCATTTGATGTCGCCACTTATGACATTTGTTAC	2556
Db	2533	TTTTAACCTTAAAAATTAATGGCAAAGACAAAGACTTTGTCTCCACTTATGACACTGTTGAC	2592
Oy	2557	TTTGGCAATGGCAATGCACACCGCCACAGTAACCATGATACGCTAAACAACACAGT	2616
Db	2593	TTTATGATGGCAATGCACACCGCCACAGTAACCTTATGATGAAGCAATCAACACAGT	2652
Oy	2617	AAGTGTATATGATGTGAATGTGTGGATGATACAAACCATTCATGTAACAGGCACTGATGAC	2676
Db	2653	AAAGTGGCGTATGATGTGAATGTGGATGAABAAACCTTAAGTACTGACAGGCGATTAATGCG	2712
Oy	2677	AATAAAAAATCTTGGCGTCAAAACACCAACCACTGAACAAACAAAGTGTAAATGATACA	2736
Db	2713	AAGAACAACCTTGGCGTCAAAACCAATCAAACTGACCAAAACAAGTACTAATGTGAATGCA	2772
Oy	2737	GCAACTACTTTTAATGTTAACTGATGATGAAGATCCCTTGGTTAAGGCAAAAGACATC	2796
Db	2773	AC-----TACATTTTTATACCGAGCATGACATCCCTTGGTTAAAGCAAGTGAATTC	2823
Oy	2797	GCGCAAAATCTTAAACACCTTAGCCCAAGAAATTCACACCAACAAAGGCACAGCAGACAC	2856
Db	2824	GCGGCGAATCTTAAACACCTTAGCCGAGGAATTCACACCAACAAAGGCACAGCAACAC	2883
Oy	2857	GCCCTACAAACCTTTACCGTTTAAAAAGGTGATGAAAAATTAATGCTGATGAGCCCAAC	2916
Db	2884	GCCCTACAAACCTTTACCGTTTAAAAAGGTATGATGAAAAATGTAAGCGTGAAGACCAAC	2943
Oy	2917	GCCATCAACCGGTGGTCAAAAFACAGCAAAATTAATCAAGTCAACACACCTTAACCTCAAAAGT	2976
Db	2944	GCCATCAACCGGTGGTAAAGATGCGACAAAGTGTAAAGTCAACACCTTAAACTCAAAAGT	3003
Oy	2977	GAAAAACGTTCTTAATATTAAAAACCGACAAAAAATGTAAGCGTTTACCTTGGCATTAACAC	3036
Db	3004	AAAAACGTTCTTAATATTAAAAACCGACAAAAATGTAAGCGTTTACCTTGGCATTAACAC	3063
Oy	3037	ACAAGCGGTCTTAAAGCGCGCAAAAGCAC---CTAAACGACGGGTGCTGTCTATTAA	3093
Db	3064	CAAAACGGGTCTTAAAGCGCGGACAGCACACTCTAAACAACAAATGGCTTGTCTATTAA	3123
Oy	3094	AACCCATCTGTGAGGACAAATCCAAATCGGTGCTGATGGCGTGAACCTTTGCCAAGGTT	3153
Db	3124	AACACCGGTATGAAGCAACAAATCCAAATCGGTGCTGATGGCGTGAACCTTTGCCATGCT-	3183

QY	3154	AATAAATAATGATGTTGTATGATGCTCTGGCAATTATATGACACAACTGGCAATTTACACAGATATGAA	3213
Db	3183	--TAATATATGTTGTATGATGCTCTGGCAATTTATGACACAACTGGCAATTTACACAGATATGAA	3240
QY	3214	AATGGCTTTCTCTGGGACCTAATGSGCTACGTGATATAAAGCAAAACCCGACCTAAGCAAAAGAC	3273
Db	3241	AATGGCTTTCTCTGGGACCTAATGSGCTACGTGATATAAAGCAAAACCCGACCTAAGCAAAAGAC	3300
QY	3274	GGCATTTAACCCAGGTGGTAAAAAGATTACCAACATTTCAATCAGTACGATTTGCCCAAAAC	3333
Db	3301	GGCATTTAACCCAGGTGGTAAAAAGATTACCAACATTTCAATCAGTACGATTTGCCCAAAAC	3360
QY	3334	AGCCATATGCTGTGACAGGCGGCAAGATTATGATTTAAAAACCGAATCTGAAAAACAA	3393
Db	3361	AGCCATATGCTGTGACAGGCGGCAAGATTATGATTTAAAAACCGAATCTGAAAAACAA	3420
QY	3394	ATCAGCAGTACTGCGCAAAACAGCACAAACATCTATTTACGCAATTTCTCAGTAGCAGATGAA	3453
Db	3421	ATCAGCAGTACTGCGCAAAACAGCACAAACATCTATTTACGCAATTTCTCAGTAGCAGATGAA	3480
QY	3454	CAAGGTATATACCTTTACGGTTACTATACCCCTCTCTCAGTTATGACACCTGCAAGACCTCT	3513
Db	3481	CAAGGTATATACCTTTACGGTTACTATACCCCTCTCTCAGTTATGACACCTGCAAGACCTCT	3540
QY	3514	GATGCTATCACCTTTGGCAGGTGAAAAACGGCATTTTACACCAAGGTAAATTAAGGTGTGTG	3573
Db	3541	GATGCTATCACCTTTGGCAGGTGAAAAACGGCATTTTACACCAAGGTAAATTAAGGTGTGTG	3600
QY	3574	CGTGTGGGCACTTTAGCCAAACCAAGGCTTTACACGGCTTAAGCGTACCGTGGGTAATAT	3633
Db	3601	CGTGTGGGCACTTTAGCCAAACCAAGGCTTTACACGGCTTAAGCGTACCGTGGGTAATAT	3660
QY	3634	AATGGCAAGGCAATTTGTCATTTGACAGCCAAATTTGTCAAAATATCCATTCACAGACTAAGC	3693
Db	3661	AATGGCAAGGCAATTTGTCATTTGACAGCCAAATTTGTCAAAATATCCATTCACAGACTAAGC	3720
QY	3694	AACACTTAGCTAATGTTTACCANTGATTAAGGATGATACGACACAGAACAGGCAAT	3753
Db	3721	AACACTTAGCTAATGTTTACCANTGATTAAGGATGATACGACACAGAACAGGCAAT	3780
QY	3754	ATAATCAAGAAGCAGAAAGCAAAACCCGTGCGCCAGCAGATTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGGC	3813
Db	3781	ATAATCAAGAAGCAGAAAGCAAAACCCGTGCGCCAGCAGATTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGGC	3840
QY	3814	TTTTAACTTGCAAGCCAAATGSGTGAAGGCGGTGACTTTGCTCCACTTTATGACACCGGTACAC	3873
Db	3841	TTTTAACTTGCAAGCCAAATGSGTGAAGGCGGTGACTTTGCTCCACTTTATGACACCGGTACAC	3900
QY	3874	TTTTGCCGATGGCAATATGCCACCCGCTTAAGGTACCTATGATGACACAAAGCAAAACAGT	3933
Db	3901	TTTTGCCGATGGCAATATGCCACCCGCTTAAGGTACCTATGATGACACAAAGCAAAACAGT	3960
QY	3934	AAAGTGTCTATGATGTGCATATGTGGATGATACAAACATTGAAGTTAAAGATTAATAAAACTT	3993
Db	3961	AAAGTGTCTATGATGTGCATATGTGGATGATACAAACATTGAAGTTAAAGATTAATAAAACTT	4020
QY	3994	GGGTGTAAGAACCAACACATTTGACAGTACTGAGGACACAGGTGCTTAATTAATTTGCCCTTAAGC	4053
Db	4021	GGGTGTAAGAACCAACACATTTGACAGTACTGAGGACACAGGTGCTTAATTAATTTGCCCTTAAGC	4080
QY	4054	AATCAAGCTACTGGCGGATGCGCTTGTCAAGGCGCAGTGATATGCTGTCTATTTAAACACC	4113
Db	4081	AATCAAGCTACTGGCGGATGCGCTTGTCAAGGCGCAGTGATATGCTGTCTATTTAAACACC	4140
QY	4114	TTTTCTGCGGCAATGCCAAACATGCGCAAAAGGGGCAAGGCCAAGCGAAACATCTCAGCAGGTAT	4173
Db	4141	TTTTCTGCGGCAATGCCAAACATGCGCAAAAGGGGCAAGGCCAAGCGAAACATCTCAGCAGGTAT	4200
QY	4174	GTTGATGCTGATAGGCAATTAAGGTCTATCTATACAGTACCAGTAAACAAGTACTATCAAGCC	4233
Db	4201	GTTGATGCTGATAGGCAATTAAGGTCTATCTATACAGTACCAGTAAACAAGTACTATCAAGCC	4260
QY	4234	AAAAATGATGGCACAGTTGATATAAAACCAAGAACTTGCAAAACAACTGGTCCGCCAA	4299

```

|||||
Db 4261 AAAATGATGGACAGTGTGATAAAAACCAAGAGTGGCAAAAGACAAACTGGTCGCCAA 4320
Qy 4294 GCCCAAAACCCAGATGGACACATGGCTCAATGATGTCAAATGATCATTTACAAAGAA 4353
Db 4321 GCCCCAAACCCAGATGGACACATGGCTCAATGATGTCAAATGATCATTTACAAAGAA 4380
Qy 4354 CAAGTAATGATGGCAATAAAAAGCAAGCATCAATGAAGCAACGCCCTTGTGTAAGGA 4413
Db 4381 CAAGTAATGATGGCAATAAAAAGCAAGCATCAATGAAGCAACGCCCTTGTGTAAGGA 4440
Qy 4414 CTTGAAAAAGCCGCTTCTGATTAACAAAACAAAACGCCGAGTAACCTGTGGGTATTTA 4473
Db 4441 CTTGAAAAAGCCGCTTCTGATTAACAAAACAAAACGCCGAGTAACCTGTGGGTATTTA 4500
Qy 4474 AATGCGCTGGCCCAACACCCCTGACCTTTGACGGGGATACAGGACAAAGCGCTAAAAA 4533
Db 4501 AATGCGCTGGCCCAACACCCCTGACCTTTGACGGGGATACAGGACAAAGCGCTAAAAA 4560
Qy 4534 CTGGGCGAGACTTGTGACCATCAAGAGTGGGCAACAGACACCAATTAAGCTAACCGATAT 4593
Db 4561 CTGGGCGAGACTTGTGACCATCAAGAGTGGGCAACAGACACCAATTAAGCTAACCGATAT 4620
Qy 4594 AACATCGGTGTGTAGACAGGATAGTATGCTTCACTGTCAAACTTGCCTAAAGACCTAAC 4653
Db 4621 AACATCGGTGTGTAGACAGGATAGTATGCTTCACTGTCAAACTTGCCTAAAGACCTAAC 4680
Qy 4654 AATCTTAACAGCTTTATGACAGTGTGGCAACAAATGATGACAAAGCGCTGCTTTGTA 4713
Db 4681 AATCTTAACAGCTTTATGACAGTGTGGCAACAAATGATGATGAAAGGATCTCTTTTGT 4740
Qy 4714 GACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAACACCCCTGTGCTAAGTGGCAATGGGTGGACCTG 4773
Db 4741 GACGCAAAACGCTCAAGCCAAAGCAACACCCCTGTGCTAAGTGGCAATGGGTGGACCTG 4800
Qy 4774 GGTGGCAAGGTCATCAGTAATGTGGGCAAGGACACAAAGATACCAGCGCTCCCAATGA 4833
Db 4801 GGTGGCAAGGTCATCAGTAATGTGGGCAAGGACACAAAGATACCAGCGCTCCCAATGA 4860
Qy 4834 CAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTGTTGGGCTCTTGGTATGCTGTAATGATTAACGCT 4893
Db 4861 CAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTGTTGGGCTCTTGGTATGATTAATTAACGCT 4911
Qy 4894 GACGCAATCAGTAAACATTGCGCACATCAAAAAGACCAAAATTCAGTTCATCATCT 4953
Db 4912 GACGCAATCAGTAAACATTGCGCACATCAAAAAGACCAAAATTCAGTTCATCATCT 4971
Qy 4954 AACCGCACTGTATCAAAAGCAGGACGCTTGGCGGTAAAGGTAATTAACGATACGGA 5013
Db 4972 AACCGCACTGTATCAAAAGCAGGACGCTTGGCGGTAAAGGTAATTAACGATACGGA 5031
Qy 5014 AAACCTGGCACTGTGTAATCAAGTGGGCGGTGATTAAGACGCAACGCTTAACGCGAT 5073
Db 5032 AAACCTGGCACTGTGTAATCAAGTGGGCGGTGATTAAGACGCAACGCTTAACGCGAT 5091
Qy 5074 TTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCGCACT 5133
Db 5092 TTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCGCACT 5151
Qy 5134 TATTAACGCGAGGTCAAGCAACTATTGTAACCAACACCCGCGAAGCCATTGACAGA 5193
Db 5152 TATTAACGCGAGGTCAAGCAACTATTGTAACCAACACCCGCGAAGCCATTGACAGA 5211
Qy 5194 ATAATGAACAAGATATCCGCTTCTTCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCGCTGTGGTA 5253
Db 5212 ATAATGAACAAGATATCCGCTTCTTCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCGCTGTGGTA 5271
Qy 5254 CAAGGCGCTAAGCGCATGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGTTTC 5313
Db 5272 CAAGGCGCTAAGCGCATGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCACTCAGTGGCGATAGTTTC 5331
Qy 5314 CAGGCAAGGAGATGTGTAAGCCGCGCTTGCATAGGCAAGCAACCAAGCAGCAAC 5373
|||||

```

```

Db 5332 CAGGCCAAAGGAGATGTTGAACCCGCCCTTGCCATTAGCAGACAAAACCAAGCAGCAAC 5391
Qy 5374 CAATCCATTCGCCATGGGTATTAACGCACAAAGCAGGGGATTCATTCATTCGCCATTCGGT 5433
Db 5392 CAATCCATTCGCCATGGGTATTAACGCACAAAGCAGGGGATTCATTCATTCGCCATTCGGT 5451
Qy 5434 ACAGGCAATGTTGTTAGCAGGTAAAGCACTGTGGTCATGGCGGACCAAGCACTGTTAAG 5493
Db 5452 ACAGGCAATGTTGTTAGCAGGTAAAGCACTGTGGTCATGGCGGACCAAGCACTGTTAAG 5511
Qy 5494 GCTGATTAACAGTTAAGTGTGGGTAAATAACAACAGTTTACCAGTGCATCAAAACGAT 5553
Db 5512 GCTGATTAACAGTTAAGTGTGGGTAAATAACAACAGTTTACCAGTGCATCAAAACGAT 5571
Qy 5554 GTCTTTGTTGGTGGCAATTAACATCCACCGTGACCGAAAGTAACCTGGTGGCTTAGTTCA 5613
Db 5572 GTCTTTGTTGGTGGCAATTAACATCCACCGTGACCGAAAGTAACCTGGTGGCTTAGTTCA 5631
Qy 5614 AACTCTGCATCAGTGCAGGACACACAGCAGGACACAAAGCAAAAATCTGACGACACA 5673
Db 5632 AACTCTGCATCAGTGCAGGACACACAGCAGGACACAAAGCAAAAATCTGACGACACA 5691
Qy 5674 GCAGGTACAACCAACACAGCAGGTGCACACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGACAAACG 5733
Db 5692 GCAGGTACAACCAACACAGCAGGTGCACACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGACAAACG 5751
Qy 5734 GCGGTTGGTGGCGGTCTCGGTGGGTGCTGAGTGTGAACGCCGCTATCCAAATGTGGGA 5793
Db 5752 GCGGTTGGTGGCGGTCTCGGTGGGTGCTGAGTGTGAACGCCGCTATCCAAATGTGGGA 5811
Qy 5794 GCAGGTAGAGTGTAGTGCACACAGCAGCGATGGGTCATAGTATGAGCAGTTGTACAAAGCC 5853
Db 5812 GCAGGTAGAGTGTAGTGCACACAGCAGCGATGGGTCATAGTATGAGCAGTTGTACAAAGCC 5871
Qy 5854 ACCCAAGGATTTGCCAAGCAACCAATGAGCTTGACATCTATCCACCAAAACGAAAT 5913
Db 5872 ACCCAAGGATTTGCCAAGCAACCAATGAGCTTGACATCTATCCACCAAAACGAAAT 5931
Qy 5914 AAGGCCAATGCAAGGATTTCAACAGATGAGGAGTGGGCTGCATGCCAAGCTTACAT 5973
Db 5932 AAGGCCAATGCAAGGATTTCAACAGATGAGGAGTGGGCTGCATGCCAAGCTTACAT 5991
Qy 5974 CCTGGCAGATCCATGTTACCGGGGTATTGCCACCAACAGGTCACAGTGCAGTGA 6033
Db 5992 CCTGGCAGATCCATGTTACCGGGGTATTGCCACCAACAGGTCAGTGCAGTGA 6051
Qy 6034 GTGGGACTGTGCAAGCTGTGATTAATGTTCAATGGGTAATTAATCAATGTTACGCC 6093
Db 6052 GTGGGACTGTGCAAGCTGTGATTAATGTTCAATGGGTAATTAATCAATGTTACGCC 6111
Qy 6094 GATACCCAAAGGCAATGAGGCGGCGAGTTGTGCAAGTTCACCTT 6141
Db 6112 GATACCCAAAGGCAATGAGGCGGCGAGTTGTGCAAGTTCACCTT 6159

RESULT 9
AY077637 6282 bp DNA linear BCT 28-JUL-2002
DEFINITION Moraxella catarrhalis strain O35e hemagglutinin (hag) gene, complete cds.
ACCESSION AY077637
VERSION AY077637.1 GI:22000943
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM Moraxella catarrhalis.
Moraxella catarrhalis
Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae; Moraxella.
REFERENCE 1 (bases 1 to 6282)
Pearson, M.M., Lafontaine, E.R., Wagner, N.J., St Geme, J.W. III and Hansen, E.J. A hag Mutant of Moraxella catarrhalis Strain O35e Is Deficient in Hemagglutination, Autoagglutination, and Immunoglobulin D-Binding Activities
TITLE

```

JOURNAL Infect. Immun. 70 (8), 4523-4533 (2002)
 PUBLISHED 12/11/964
 REFERENCE 2 (bases 1 to 6282)
 AUTHORS Pearson, M.M., Lafontaine, E.R., Wagner, N.J. and Hansen, E.J.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (29-JAN-2002) Microbiology, University of Texas
 Southwestern Medical Center, 5323 Harry Hines Blvd, Dallas, TX
 75390-9048, USA

FEATURES
 source Location/Qualifiers

1. 6282
 /organism="Moraxella catarrhalis"
 /strain="O35E"
 /db_xref="taxon:480"
 266..6160
 /gene="hag"
 266..6160
 /gene="hag"
 /note="autoagglutinin; binds Homo sapiens IgD"
 /codon_start=1
 /transl_table=1
 /product="hemagglutinin"
 /protein_id="AAI78284.1"
 /db_xref="GI:2200944"

gene
 CDS

BASE COUNT 2063 a 1432 c 1371 g 1416 t
 ORIGIN
 Query Match 65.8%; Score 4042.2; DB 1; Length 6282;
 Best Local Similarity 82.1%; Pred. No. 0;
 Matches 5094; Conservative 0; Mismatches 738; Indels 369; Gaps 24;

QY 1 ATGAATCATCTCTTAAATCATCTTAAACAAGCCACAGGACATTTTGCAGAGGCA 60
 |||||||
 DB 266 ATGAATCATCTCTTAAATCATCTTAAACAAGCCACAGGACATTTTGCAGAGGCA 325
 |||||||
 QY 61 GAGTACGCCAAATCCACAGCAGGCGGGGTAGCTGTCTACAGGCAAGTTGGCACT 120
 |||||||
 DB 326 GAGTACGCCAAATCCACAGCAGC---GGGGGTAGCTGTCTACAGGCAAGTTGGCACT 382

QY 121 GTATGACCTGACGCTTTGCCCGGATTTGCCGCGCTGCTGCTGATCGGTGACAG 180
 ||| |||||||
 DB 383 GTACGACCTGACGCTTTGCCCGGATTTGCCGCGCTGCTGCTGATCGGTGACAG 442
 ||| |||||||
 QY 181 CTCAGTGGCAGCTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATGCAATTTGGTGAACA 240
 ||| |||||||
 DB 443 CTCAGTGGCAGCTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAACATATGCAATTTGGTGAACA 487
 ||| |||||||
 QY 241 AACGAGCAAGACCTCGACGCTGCGCAAGGCGGAGGTATGAGGACATTTGATTTGTT 300
 ||| |||||||
 DB 488 GCGCGGCTCA-----ATGGCGGAGCCAGGCGGTGATGGAATTCATTGCTATTGGT 541
 ||| |||||||
 QY 301 GAAATGCTTAACGACAGGCGGCTCAAGCCATCCGATCGGTAGTAAATAAAGTGC 360
 ||| |||||||
 DB 542 AGTATTTGCTCAGGACAGCGCTCAATCTATTTCTATTGCTGACCAACAGCGTTCT 601
 ||| |||||||
 QY 361 AATGGAACAGCTTTGATAGATAGATAGCATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCCATC 420
 ||| |||||||
 DB 602 AATTCAGCTAATTAATGCTAATTAATAGGTGCGAGACCTCAGGTAGTGAAGCCATCGCATC 661
 ||| |||||||
 QY 421 GGTGTCATGTAAGGCTAGTGTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 480
 ||| |||||||
 DB 662 GGTGTCATGTAAGGCTAGTGTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 721
 ||| |||||||
 QY 481 TTGCTTGATCAGCATGCTAATCTTAACATCCGAAAGTACTGATTAACGATTTATT 540
 ||| |||||||
 DB 722 TTAATCATGATAGTAAAGATAGTAAATGTTACGAA-----TATTCAAAATCTTATT 772
 ||| |||||||
 QY 541 AACGGCCATGAGTATTAAGAAATACGAGCTCAAGAGTAAATGATGTTAAATATAGA 600
 ||| |||||||
 DB 773 AGCCAGCATAGGATTTTAAATAACATACGACCAAAAA-----TCAATATAGA 820
 ||| |||||||
 QY 601 CGCACAAACCGGAGGAGCGACAGCCAGTACGTCAGTGGAGCCATGTCATATGCAAGGT 660
 ||| |||||||
 DB 821 CGCACAAACCGGAGGAGCGACAGCCAGTACGTCAGTGGAGCCATGTCATATGCAAGGT 880
 ||| |||||||
 QY 661 CATTTTCCAAACGCTTTGTTGATACAGGCGCAAGCTAAATGCGCTATCTTGGCAGTG 720
 ||| |||||||
 DB 881 CATTTTCCAAACGCTTTGTTGATACAGGCGCAAGCTAAATGCGCTATCTTGGCAGTG 940
 ||| |||||||
 QY 721 GGTCTTGGCGGACAGCGGAGCGGCAATCTCAATCGTATGTTGTTGATGCAACATCT 780
 ||| |||||||
 DB 941 GGTCTTGGCGGACAGCGGAGCGGCAATCTCAATCGTATGTTGTTGATGCAACATCT 1000
 ||| |||||||
 QY 781 AGCTCTGGGAGCATAGCCCTTGGTGCAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 840
 ||| |||||||
 DB 1001 AAAAGTATGAGGACCTAGCCCTTGGTGCAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1060
 ||| |||||||
 QY 841 GCCCTAGGCAAGGCTTGGTGCAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 900
 ||| |||||||
 DB 1061 GCCCTAGGCAAGGCTTGGTGCAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1120
 ||| |||||||
 QY 901 CCAATATACCAAGCATAGACCCCAAGTTTCAAGCCCAATAA--TAGCAAGCGGGGT 957
 ||| |||||||
 DB 1121 CCAATATACCAAGCATAGACCCCAAGTTTCAAGCCCAATAA--TAGCAAGCGGGGT 1180
 ||| |||||||
 QY 958 CCACCTTCCATTTGGTATGATCTCTTCAAGGTTAAATCATCATGTCGCTGAGCTGTT 1017
 ||| |||||||
 DB 1181 CCACCTTCCATTTGGTATGATCTCTTCAAGGTTAAATCATCATGTCGCTGAGCTGTT 1240
 ||| |||||||
 QY 1018 AATTAACCGATGCGGTCAATGTGCGACAGCTAGAGGAGGTTGTAAGTGGCTTAAGAG 1077
 ||| |||||||
 DB 1241 CAGGATACCGATGCGGTCAATGTGCGACAGCTAGAGGAGGTTGTAAGTGGCTTAAGAG 1297
 ||| |||||||
 QY 1298 CGTAAATATCTTTT---ACTGCTGATAGCGGTGTAATGTACAAAGGTTTGAACGAG 1354
 ||| |||||||
 DB 1138 ACTTTTACTATTAAAGGTGTC---CAGAGACCAACGATTAACCGATTAATTAATTCGGT 1194
 ||| |||||||
 DB 1355 ACCCTTAACCTATTAAAGGCGGTGAGACAAATAGATAACAGCTTAACGATGATTAATTC 1414
 ||| |||||||
 QY 1195 GTGGTAAAGAGGCTGATTAATAGTGTGTGAAGTTAACTTGAACCTTAACAAAT 1254

Qy	3364	TATGATTTAAAAACGACACTTGAAGAAACAAATTCAGACAGTACTGCGCAAAACAGACAAAC	3423
Db	3383	TATGATTTAAAAACGACACTTGAAGAAATAAATTCAGACAGTACTGCAATAACAGACAAAC	3442
Qy	3424	TCATTCACGAATTCCTCAGTACAGATGACAAAGGTATATTAATCTTACGTGTAGTAAACCT	3483
Db	3443	TCATTCACGAATTCCTCAGTACAGATGACAAAGGTATATTAATCTTACGTGTAGTAAACCT	3502
Qy	3484	TACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGTATGTCATCACCTTTGCAAGGTGAAGACGGC	3543
Db	3503	TACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGTATGTCATCACCTTTGCAAGGTGAAGACGGC	3562
Qy	3544	ATTACCCCAAGGTAAATTAAGGTGGTGGCTGTGGGCATTGTGACCAAAACCAAGGCTTAA	3603
Db	3563	ATTACCCCAAGGTAAATTAAGGTGGTGGCTGTGGGCATTGTGACCAAAACCAAGGCTTAA	3622
Qy	3604	ACCACGCTTAAGCTGACCGGTGGTAAATAATTAATGGCAAAAGGCATTGTCTATTGACAGCCAA	3663
Db	3623	ACCACGCTTAAGCTGACCGGTGGTAAATAATTAATGGCAAAAGGCATTGTCTATTGACAGTAA	3682
Qy	3664	AATGGTCAAAATACCATCAGAGCACTAAGCAACACTCTAGCTAATGTTACCANTGATAAA	3723
Db	3683	GATGGTCAAAATACCATCAGAGCACTAAGCAACACTCTAGCTAATGTTACCANTGA ---	3738
Qy	3724	GGTAGCTTAGCGCACACAGAACAGGGCAATTAATCAAGACGAAGAAACCAACCCGTGCC	3783
Db	3739	- -TGGTCAGAGCACAGCACTAAACCAAGGGCTTTGGCGATTAACAGCGAAACCCCGTCT	3796
Qy	3784	GCCAGCATTTGTTGATGTGTCTAAGCGCAGCTTTAACTTGGCAAGCANTGGTGAAGCGGTT	3843
Db	3797	GCCAGCATTTGTTGATGTGTCTAAGCGCAGCTTTAACTTGGCAAGCANTGGTGAAGCGGTT	3856
Qy	3844	GACTTGTCTCCACCTTATGACACCGTCACCTTGGCGAATGGCAATGGCCACCACCGCTAG	3903
Db	3857	GACTTGTCTCCACCTTATGACACCGTCACCTTGGCGAATGGCAATGGCCACCACCGCCAA	3916
Qy	3904	GTGACCTATGATGACACACAGCAAAACCAAGTAAAGTGCTATGATGTCAATGTGGATGAT	3963
Db	3917	GTGACCTATGATGACACGAACAGACACAGCAAGTAAAGTATGATGTCAATGTGGATGAT	3976
Qy	3964	ACAACCATTTGAAGTTAA ---GATTAAGAACTGGGGTAAAAACCAACCATTTGACAGT	4020
Db	3977	AAAACCTTTGAAGTGAAGACAGCGCATTAAGAACTTTGGCGTCAAAACCAACCATTTGACAGT	4036
Qy	4021	ACTGGCACAGTGTCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTATGCGGATGGCCTTGTCT	4080
Db	4037	ACTGGCACAGTGTCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGCTATGCGGATGGCCTTGTCT	4096
Qy	4081	AAGGCAGATGATATCGTGTGCTCAATCAAAACCTTATCTGGGCAATCCCAACCTGCCAAA	4140
Db	4097	AAGGCAGATGATATCGTGTGCTCAATCAAAACCTTATCTGGGCAATCCCAACCTGCCAAA	4156
Qy	4141	GGGGCAAGCCCAAGCAACAACCTCAGCAGGCTATGTGGATGCTGATGGCAATTAAGTCTATC	4200
Db	4157	GGGGCAAGCCCAAGCAACAACCTCAGCAGGCTATGTGGATGCTGATGGCAATTAAGTCTATC	4216
Qy	4201	TATGCACTACCGATTAACCAAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGCAAGCTGATTAACACC	4260
Db	4217	TATGCACTACCGATTAACCAAGTACTATCAAGCCAAAATGATGGCAAGCTGATTAACACC	4276
Qy	4261	AAGGAAGTTGGCAAGCAAACTGTGCGCCAGCCCAACCCCAAGATGGCAATTGGCT	4320
Db	4277	AAGGAAGTTGGCAAGCAAACTGTGCGCCAGCCCAACCCCAAGATGGCAATTGGCT	4336
Qy	4321	CAAAATGAATGTCAATCAGTCAATTACCAAGAAACAATTAATGATGCCATTAAGAACAA	4380
Db	4337	CAAAATGAATGTCAATCAGTCAATTACCAAGAAACAATTAATGATGCCATTAAGAACAA	4396
Qy	4381	GGCATCATTAAGAAACACGCTTTGTTAAAGCACTTGAAGAAAGCGCTTCTGATTAACAA	4440
Db	4397	GGCATCATTAAGAAACACGCTTTGTTAAAGCACTTGAAGAAAGCGCTTCTGATTAACAA	4456

QY	4441	ACCAAAAGCCCGAGTAACCTGGGTGATTTAAATGCCCGTTGCCCAAAACACCGGTGACC	4500
Db	4457	ACCAAAAACCCCGAGTAACCTGGGTGATTTAAATGCCCGTTGCCCAAAACACCGGTGACC	4516
QY	4501	TTTTCAGAGGGATACAGGACCAACCGGTAAAAAACAGGGCGAGACTTTTGACATCAAAAGT	4560
Db	4517	TTTTCAGAGGGATACAGGACCAACCGGTAAAAAACAGGGCGAGACTTTTGACATCAAAAGT	4576
QY	4561	GGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTAACCGATTAATACATCGGTGTGGTACAGAGTACTGAT	4620
Db	4577	GGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTAACCGATTAATACATCGGTGTGGTACAGAGTACTGAT	4636
QY	4621	GGCTTCACTGTCAAACTTGGCAAAAGCCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGACAGTGGC	4680
Db	4637	GGCTTCACTGTCAAACTTGGCAAAAGCCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGACAGTGGT	4696
QY	4681	ACCAAAATTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGTAGCTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAC	4740
Db	4697	ACCAAAATTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGTAGCTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAC	4756
QY	4741	ACCCCTGTGCTAACTGGCCAAATGGGCGTGAGACCTGGGAGCAAGGTCAATGATTAATGTGGG	4800
Db	4757	ACCCCTGTGCTAACTGGCCAAATGGGCGTGAGACCTGGGAGCAAGGTCAATGATTAATGTGGT	4816
QY	4801	AAAGCACAAAGATATCCGACGCTGCCAATGTACACAAGATTAAACGAAGTACGCACTTG	4860
Db	4817	AAAGCACAAAGATATCCGACGCTGCCAATGTACACAAGATTAAACGAAGTACGCAACTTG	4876
QY	4861	TTGGGTCTTGTAATGCTGTGTAATGATTAACGCTGACAGCGCAATACAGTAAACATTTGCCGAC	4920
Db	4877	TTGGGTCTTGTAATGCTGTGTAATGATTAACGCTGACAGCGCAATACAGTAAACATTTGCCGAC	4936
QY	4921	ATCAAAAAGACCCCAATTAAGTTATGCTATCATCAACCCGACGTGTATCAAAAGACAGGACG	4980
Db	4937	ATCAAAAAGACCCCAATTAAGTTATGCTATCATCAACCCGACGTGTATCAAAAGACAGGACG	4996
QY	4981	GTACTTTGGCGGTAAAGTAATTAACGATACCGAAAACTTGCCACTGTGTGTATACAAAGT	5040
Db	4997	GTACTTTGGCGGTAAAGTAATTAACGATACCGAAAACTTGCCACTGTGTGTATACAAAGT	5056
QY	5041	GGCGTGGATTAAGACGCGAACGCGTAACGGCGATTTTAAACAATGTTTGGGTCAAAAACCAA	5100
Db	5057	GGCGTGGATTAAGACGCGAACGCGTAACGGCGATTTTAAACAATGTTTGGGTCAAAAACCAA	5116
QY	5101	AAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGTCTCTGCCACTTATTAACGCCGCAAGTACACCACTAT	5160
Db	5117	AAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGTCTCTGCCACTTATTAACGCCGCAAGTACACCACTAT	5176
QY	5161	TTGACCAACAACCCCGCAAGAACCATTTGACAGAAATAATGAACAAGATATCCGCTTCTTC	5220
Db	5177	TTGACCAACAACCCCGCAAGAACCATTTGACAGAAATAATGAACAAGATATCCGCTTCTTC	5236
QY	5221	CATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCCTGTGTACAAAGGCGTACAGGCACTTTGACTCAAGT	5280
Db	5237	CATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCCTGTGTACAAAGGCGTACAGGCACTTTGACTCAAGT	5296
QY	5281	GCCCTCAGGCAAGCACTCAGTGTGGCATATAGTTTCCAGGCCCAAGGCAAGATGTGAACGCCC	5340
Db	5297	GCCCTCAGGCAAGCACTCAGTGTGGCATATAGTTTCCAGGCCCAAGGCAAGATGTGAACGCCC	5356
QY	5341	GTTGGCATATGGAGCAAAACCCAGACAGCAACCAATTCATCGCCATCGGTATTAAGCA	5400
Db	5357	GTTGGCATATGGAGCAAAACCCAGACAGCAACCAATTCATCGCCATCGGTATTAAGCA	5416
QY	5401	CAGGCACGGGCGATCAATTCATCGCCATCGGTATACAGGCAATGTGGTACAGGTAAAGCA	5466
Db	5417	CAGGCACGGGCGATCAATTCATCGCCATCGGTATACAGGCAATGTGGTACAGGTAAAGCA	5476
QY	5461	TCGTGGTCCATGGGAGACCAAGCAAGCTTTTAAGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGTAAAT	5520
Db	5477	TCGTGGTCCATGGGAGACCAAGCAAGCTTTTAAGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGTAAAT	5536
QY	5521	AACAAACGATTTTACGATGCCACTCAAAACGATGCTTTGGTGTGGCAATACATCAAC	5580

QY	1125	AGGTTTGGATATACTCTTAACTATTAAGGTG---	GTCCAGAGACCACGGATTAACCGA	1181
Db	43734	AGGTTTGCACAGAGAGGTTTAACCTATTAAAGGCGGGCGACCAATGGCGGTGAATTAACCGA	43793	
QY	1182	TAAATATATCGGTGTGTGTAAAGAGGCGTAATAT--	GTGGTCGAAAGTTAAACTTGC	1238
Db	43794	CAATATACATCGGTGTGTGTAAAGATATATGATATATGGTGTGTGAAAGTTAAACTTGC	43853	
QY	1239	TAAACCTTTAAACATCTTACTGAGGTGAATATCAACTACATTAAATGGCCACACACAGT	1288	
Db	43854	TAAAAATTTAACTGATCTGTGAAGCGTTTAACACGCAAAACCTTAACCGCCACAGGTGCAT	43913	
QY	1299	TAAAGTAGTAGTACTAGTACTAGTAC---	TACAGCTGAATTTATGTAGTATAGTATTAACTT	1355
Db	43914	CACCGTAAATATATATATAGTACTACTACCAATACGCGCTACATATTATGGTGTGTGTTAACTGT	43973	
QY	1356	TACCCAGCCCAATACAGCGACTCAAGACACAAACCGTCTATGGCGTTAATGGGGT	1415	
Db	43974	TAAAGATATTTCTA---ACMAAACAATCCAGTCAAGTCTG---ATGGCAATTAATTTAC	44027	
QY	1416	GAAAGTTTACTATATATGCAAAACAACAGCAGCAATGCGCACTACTCTATTACAGAGA	1475	
Db	44028	TGATTTGATAGTGGTGTACATACAGCCCGAGTACAGCAGCGGCACTACTCGTATTACAGAGA	44087	
QY	1476	TAAAAATGGCTTTGCTCGAGATGTGATGTGTGATGAAAAACAAGCACAATTTGGATTA	1535	
Db	44088	TACATTTGGCTTTGGCAAAAGAGGTGTATAGATGTTATGATATACATTTACCATATTGGATTA	44147	
QY	1536	AAACAACCTTAAAGTGGGTAGTGTGCAATTTACCATAGCAATGGCATGTATGACAGTAA	1595	
Db	44148	CGCAAAAGCTAAAGATGGTGGATAGTTGAGATTATTAAGACACTGGTATTATATGCAAGTTAA	44207	
QY	1596	TAAAAAGATCACTAATCTTGTGCCAAAGGTAGAGCAGTGTCAAGATGGCGTTTACCATGAACA	1655	
Db	44208	TCAAAAAGATTACCGGACTACTGATGTGTGACAGACATGGCCGATCGTGTATACATTAACA	44267	
QY	1656	GCTCAAGCGCCGCAAGCCTACTTTAAAGCCAGCGCGCTGGCATGTGTACACACTACTGA	1715	
Db	44268	GCTCAAAACGCGCAAGCCTAATTTAAACCCAGGCAATGGCATGTGAGATTAAACAATACAA	44327	
QY	1716	AA---TATCAGTTGATGTGAAGAGTGGCAATTTACCGGCCCACTTCAACATTTGGCGT	1772	
Db	44328	CAGTCTATTAGTTGATGTGCTGCTAAATGTATGTATACCCCCCATCTTTATACATTTGGGGT	44387	
QY	1773	GAAAAACCCGCAAGCTTAACAGTATGCGACTGTAGT---	TAAATTTAGTGTAAAGGTAG	1829
Db	44388	GAAAAACCCAGCTGTACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTGCTGTAAAGGTATG	44447	
QY	1830	TGGTAGC---AACATATAGCTTATGATACGCGCAACATTTGGAGCACTATCTAAATGAAGT	1886	
Db	44448	TATATACGCTAATCAATAGCTTATGATTAACGCCCAAAAGATTTGGCAGGCTACTTAATGAAGT	44507	
QY	1887	CATCGAAGCGGTGACAGTGTCTACAAAGCTTTACCGTTAAAGAAAGACATGATGA	1946	
Db	44508	CAATCGAAGCGGTGACAGTGTCTACAAAGCTTTACCGTTAAAGGTGGTATGACAGCAAG	44567	
QY	1947	CGCCAAAGCTATACCGGTGGCTAAAGATATGCAACAAAAATGGCGGCGCAGTCAAGATCTT	2006	
Db	44568	CACAAACAGCATATACCGCTAGATTAAAACCGCAACAGTCTTAACCGTGAAGGCG---	44619	
QY	2007	AAATCTCAAGGTAAATAAGCGTCTAAAGCGTGTCTACCAAAAAAGATGTATGCGTTACCTT	2066	
Db	44620	---GATTAACGCGATTAAGTGTAAAGCGGATATCAACTCGAAAAAAGTCAAGGT-----	44669	
QY	2067	TGGGCTTAGCCAAAGATAGCGGTGTGACCAATTGGCAAAAGCACCCCTTAACACAGATGGCTT	2126	
Db	44670	-----	44669	
QY	2127	GACTGTTAAAGATACCAAGAACAAATTCACAGTGGTGTCTAATGGCATTAATTTACTTA	2186	
Db	44670	-----	44665	

QY	2187	TGCGAATGTAAGTAATCCAGAGTACTGCGCACTTGCCTCAAAATCCGCTGCATCTACACAGATA	2246
Db	44670	-----TGGCATTTGACCAAGCCAATGCGCTTAACACAGCCTAA	44707
QY	2247	AATTGGCTTTGCTGGTCTTGATGTGTCAGTGTATACAAACCAACCTTATCTTGTATCAAGA	2306
Db	44706	GCTGACCGTGGGTAG-----	44722
QY	2307	CAAGCTCAAGTTGGCAATTTAAGTTATACCAACACTGGCATTTAACGAGGTGGTAAAGC	2366
Db	44721	CAATAGTAAACCTCAATTTGGTATTTGAGCAAAATGGTTATCGGTAAAGCAGACCCAAAAACAT	44788
QY	2367	CATGACAGGGGCTGTCCCCAACACTGCTGACATTTGGCGA--TCAAAGTAGCCGCAACAT	2423
Db	44781	CATCAAAAGGGCTGTGCTCAACACTGACTGCAATTAACCAACACAGATATATACACACACAC	44844
QY	2424	AGAAGTGGGCAATTAACAATCCAAACCAACCAAAATTCAAACGCTGGCAGCATTAATGATAT	2483
Db	44841	AGAACAAACCAATACGCGCCCAAGGCAAG--AAATCCAAAGCTGGCAATATCAAGAATGT	4489
QY	2484	ATTAAATACAGGCTTTTAACCTTAAAAAATATATAACAACCCATTTGACTTTGTCCCACTTA	2543
Db	44898	GCTAAACCCAGGCTTTTAACCTTTGCAAGGCAATGGCAACGCCGTTGACTTTGTCTCTACTTA	44955
QY	2544	TGACATTTGTGACTTTGCCAATGGCAATGCGCACACCCGACAGTAAC-----CATGA	2557
Db	44958	TGATACCGTCAACTTTTCCCAATGGCGATGGCACACACTGCGACAGTAATACCTTAATTATA	4501
QY	2598	TACCGCTTAACAAACAGTAAAGGGTATATGATGTGATGTGATGTGATTAACACATTTCA	2657
Db	45018	TGAAGGCAACCAACCAACGACGACAGTGGCTATATATGTCAATGTGATGTATACACATTTCA	4507
QY	2658	TCCTAACGAGCAGTGTATGACATATAAAAAAATTTGGCGTCAAAACCCACCAACTGAAACAAAC	2717
Db	45078	TCTGGCAATATATATGTAT	4513
QY	2718	AAGTCTAATGTTAATACAGCACTAATCTTATATGTTAATCTGTAGTGTGAAGATGGCCT	2777
Db	45138	AAATGTGTCAAATGTTATGTATGTCACATTAATTTAGTGGCAAC-----AATGGCGATGCCCT	4519
QY	2778	TGTTAACGCCAAAGACATCGCGCGCAAAATCTTAACACCCCTAGSCAAGAAATTCACACAC	2837
Db	45192	TGTTAACCCCAAGGTATTTGCGCGCACTTAACATCTCAGCGGAGAAATTCACACAC	4525
QY	2838	CAAAAGGACACACACACGCGGCTTACAAACCTTTACCCTTTAAAGATGATGAATTA	2897
Db	45252	CAAAAGGACACACACACGCGGCTTACAAACCTTTAAAGTCAAAAAAGACGGTGCACCA	4531
QY	2898	TATATCTGATGACGCCCAACGCGCATCACCGTGGTCAAAAAGCAAGCAATTAATCAAGTCA	2957
Db	45312	TGATGATG-----ACACCAATCACCGTGGT-----AAAAATGGCGGTGA	4535
QY	2958	CACCTTAACACTCAAGGTGAAAAAGGTCTTAATATTTAAACCGACAAAAATGGTAGCGT	3017
Db	45351	CACCTTAACACTCAAGGTGAAAAAGGTCTTAACAGGTGTGTACCAAAAAAGATGGTAGCGT	4541
QY	3018	TACCTTTGGCAATTAACACCAACCGGTCTTAAGCCGG---CAAAAGCAGCCTTAACGA	3074
Db	45411	TACCTTTGGCAATTAACACCAACCGGTCTTAAGCCGGCGACACACCACTTAACAA	4547
QY	3075	CGGTGGCTTGTCTTAATAAAACCCCACTGGTAGCGAACAATTCAGTGGTGTGATGG	3134
Db	45471	ACATGGCTTTGTCTTAATAAAACCCCACTGGTAGCGAACAATTCAGTGGTGTGATGG	4553
QY	3135	CGTGAAGTTTGGCAAGGTATATATATGTTTGAAGTGGTGGCATTTGAATGGACAC	3194
Db	45531	CGTGAAGTTTGGCAAGGTATATATATGTTTGAAGTGGTGGCATTTGAATGGACACAG	4559
QY	3195	TGCGAATTAACAGAGTGAATTTGGCTTTACTGAGGACATAATGGCTACTTGAATAAAGCA	3254
Db	45591	CGTATACACCAAGTAAATATGGCTTTGGTGGGGCTAATGGGTCACTGATACACCA	4565
QY	3255	ACCCCACTTAAGCAACAGCGCATTAACGACAGGTGGTAAAAAGATTTACCACATTTCAATC	3314

```
|||||
Db 45651 ACCCCACCTAAGCAAGAGCGGATTACGACAGTGTAAAGATTTACCAACATTCATC 45710
Oy 3315 AGGTAGATGTCGCCAAAGACCCATGATGCTGTGACAGCGGCAAGATTTATGATTTAA 3374
Db 45711 AGGTAGATGTCGCCAAAGACCCATGATGCTGTGACAGCGGCTGATTTATGATTTAA 45770
Oy 3375 AACCACTTGAAGCAAAATCAGAGTACTGCGCAAAACAGACAAAATCTATTACAGA 3434
Db 45771 AACCACTTGAAGCAAAATCAGAGTACTGCGCAAAACAGACAAAATCTATTACAGA 45830
Oy 3435 ATTCTCAGTAGCAGATGAACAAGTAAATTAATCTTACGGTTAGTAACCTTACTCCAGTTA 3494
Db 45831 ATTCTCAGTAGCAGATGAACAAGTAAATTAATCTTACGGTTAGTAACCTTACTCCAGTTA 45890
Oy 3495 TGACACCTCAGAGACCTCTGATGTATCACCCTTTCAGAGTGAAAACGGCATTTACACCA 3554
Db 45891 TGACACCTCAGAGACCTCTGATGTATCACCCTTTCAGAGTGAAAACGGCATTTACACCA 45950
Oy 3555 GGTAATATAAGGTGTGTGCGGTGTGGGCTTGACCAAAACCAAGGCTTAACACGCGTTA 3614
Db 45951 GGTAATATAAGGTGTGTGCGGTGTGGGCTTGACCAAAACCAAGGCTTAACACGCGTTA 46010
Oy 3615 GGTGACCGTGGTAAATTAATATGCAAAAGGCAATGTGATTCATTCAGACCAAAATGTCAAA 3674
Db 46011 GGTGACCGTGGTAAATTAATATGCAAAAGGCAATGTGATTCATTCAGACCAAAATGTCAAA 46070
Oy 3675 TACCATTCACAGACTTACAGCAACTCTAGCTATATGTATTCACATGATTAAGTAGCTAGC 3734
Db 46071 TACCATTCACAGACTTACAGCAACTCTAGCTATATGTATTCACATGATTAAGTAGCTAGC 46124
Oy 3735 CACCAACAACAGGCGCAATATATCAAGAGCAAGCAAAACCCGTCGCCAGCATGTG 3794
Db 46125 CACCAACAACAGGCGCAATATATCAAGAGCAAGCAAAACCCGTCGCCAGCATGTG 46184
Oy 3795 TGATGTGCTAAGCGGAGGCTTTAACTTGCAGAGCAATGGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTC 3854
Db 46185 TGATGTGCTAAGCGGAGGCTTTAACTTGCAGAGCAATGGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTC 46244
Oy 3855 CACTTATGACACCGTCACCTTGGCGATGCGATGCGAATGCCACACCGCTTAAGTAGCTATGA 3914
Db 46245 CACTTATGACACCGTCACCTTGGCGATGCGATGCGAATGCCACACCGCTTAAGTAGCTATGA 46304
Oy 3915 TGACACAAGCAAAACAGTAAGTGGTGTATGATGTATGATGTATGATGATGATGATGATGATG 3974
Db 46305 TGACACAAGCAAAACAGTAAGTGGTGTATGATGTATGATGTATGATGATGATGATGATGATG 46364
Oy 3975 AGTTAAAGATTAAGAACTTGGCGTAAACCAACCAATTTGACCACTACTGGCACAAGGTGC 4034
Db 46365 AGTTAAAGATTAAGAACTTGGCGTAAACCAACCAATTTGACCACTACTGGCACAAGGTGC 46424
Oy 4035 TAATTAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTTACTGGCGATGCGCTTGTGCAAGGCCAGTATAT 4094
Db 46425 TAATTAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTTACTGGCGATGCGCTTGTGCAAGGCCAGTATAT 46484
Oy 4095 CGTTCATCTTAACACCTTATCTGCGGACATCCAAATGCGCAAAAGGGGCAAGGCCAAGC 4154
Db 46485 CGTTCATCTTAACACCTTATCTGCGGACATCCAAATGCGCAAAAGGGGCAAGGCCAAGC 46544
Oy 4155 GAACAACCTCAGAGGCTATGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 4214
Db 46545 GAACAACCTCAGAGGCTATGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 46604
Oy 4215 TAACAAGTACTTCAAGCCAAATATGATGCGACAGTGTATTAACCAAGAAAGTTGCCAA 4274
Db 46605 TAACAAGTACTTCAAGCCAAATATGATGCGACAGTGTATTAACCAAGAAAGTTGCCAA 46664
Oy 4275 AGACAACCTGTGTGCCAAAGCCCAACCCAGATGAGCATTTGGCTCAATTAATGTCAA 4334
Db 46665 AGACAACCTGTGTGCCAAAGCCCAACCCAGATGAGCATTTGGCTCAATTAATGTCAA 46724
Oy 4335 ATCAGTCAATTAAACAAGAAAGTAATGATGCCAATAAAAGCAAGGCATCAATGAAGA 4394
|||||
|||||
Db 46725 ATCAGTCAATTAAACAAGAAAGTAATGATGCCAATAAAAGCAAGGCATCAATGAAGA 46784
Oy 4395 CAACGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAACCCGCTTGTATTAACAAACCAAAAGCCGCG 4454
Db 46785 CAACGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAACCCGCTTGTATTAACAAACCAAAAGCCGCG 46844
Oy 4455 AGTAACCTGTGGGTATTTAAATGCGGTGCGCAAAACCGCGTGACCTTTGAGGGGATAC 4514
Db 46845 AGTAACCTGTGGGTATTTAAATGCGGTGCGCAAAACCGCGTGACCTTTGAGGGGATAC 46904
Oy 4515 AGGCAACACGGCTAAAGAACTGGGCGAGACTTGTGACATCAAAAGGTGGGCAACAGACAC 4574
Db 46905 AGGCAACACGGCTAAAGAACTGGGCGAGACTTGTGACATCAAAAGGTGGGCAACAGACAC 46964
Oy 4575 CAATAAGCTAACCAGATTAATACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGATGCTTCACTGTCAA 4634
Db 46965 CAATAAGCTAACCAGATTAATACATCGGTGTGTAGCAGGTACTGATGCTTCACTGTCAA 47024
Oy 4635 ACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTTAACAGCGTTAATGCAAGGTGGGCAACCAATGATGA 4694
Db 47025 ACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTTAACAGCGTTAATGCAAGGTGGGCAACCAATGATGA 47084
Oy 4695 CAAAGCGGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAACCCCTGTGCTAAG 4754
Db 47085 CAAAGCGGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAACCCCTGTGCTAAG 47144
Oy 4755 TGCCATGTGGGTGTGACCTGGGTGGGCAAGGTCACTAATGTGGGCAAGGCAACAAAGA 4814
Db 47145 TGCCATGTGGGTGTGACCTGGGTGGGCAAGGTCACTAATGTGGGCAAGGCAACAAAGA 47204
Oy 4815 TACCGAGCTGCGCAATGTACCAACAGTTAAAGCAAGTACCAACTTTGGGCTTGGTAA 4874
Db 47205 TACCGAGCTGCGCAATGTACCAACAGTTAAAGCAAGTACCAACTTTGGGCTTGGTAA 47264
Oy 4875 TGCTGTATGTATACGCTGTGACGGCAATGAGTAAACATTTGCCAGATCAAAAGACCC 4934
Db 47265 TGCTGTATGTATACGCTGTGACGGCAATGAGTAAACATTTGCCAGATCAAAAGACCC 47324
Oy 4935 AATTCAGGTGATCATCTTACCCGCACTGTCATCAAGAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGG 4994
Db 47325 AATTCAGGTGATCATCTTACCCGCACTGTCATCAAGAGGCAAGGCAAGGCAAGGCAAGG 47384
Oy 4995 AGGTAAATACGATTAACGCAAAACCTTGCACCTGGTGTATTAACAAGTGGCGGTGAATAA 5054
Db 47385 AGGTAAATACGATTAACGCAAAACCTTGCACCTGGTGTATTAACAAGTGGCGGTGAATAA 47444
Oy 5055 CGGCAACGCTTAACGGCGATTTAAGCAATGTTTGGTCAAAACCCCAAAAGATGGCAGCA 5114
Db 47445 CGGCAACGCTTAACGGCGATTTAAGCAATGTTTGGTCAAAACCCCAAAAGATGGCAGCA 47504
Oy 5115 AAAAGCCCTGTGCGCACTTATTAAGCGCGAGGTGACCAACTATTGACCAACCAACC 5174
Db 47505 AAAAGCCCTGTGCGCACTTATTAAGCGCGAGGTGACCAACTATTGACCAACCAACC 47564
Oy 5175 CGCAGAGCCATTTGACAGATTAATGAACAAGTATCCCTTCTTCCATGTAACAGATG 5234
Db 47565 CGCAGAGCCATTTGACAGATTAATGAACAAGTATCCCTTCTTCCATGTAACAGATG 47624
Oy 5235 CAATCAAGAGCCTGTGTCAAGGGGCTTAAGCGGATTTGACTCAAGTGCCTCAAGGCAAGA 5294
Db 47625 CAATCAAGAGCCTGTGTCAAGGGGCTTAAGCGGATTTGACTCAAGTGCCTCAAGGCAAGA 47684
Oy 5295 CTCAGTGGGATTAAGTTTCCAGGCGCAAGGCAATGTTGAAGCGCGGCTTGCATATGGCAG 5354
Db 47685 CTCAGTGGGATTAAGTTTCCAGGCGCAAGGCAATGTTGAAGCGCGGCTTGCATATGGCAG 47744
Oy 5355 ACAAAACCAAGAGGCAACCAATCCATCCCATCGGTGATTAACGCAAGGCCAGGCGCA 5414
Db 47745 ACAAAACCAAGAGGCAACCAATCCATCCCATCGGTGATTAACGCAAGGCCAGGCGCA 47804
Oy 5415 TCAATTCATGCGCATGCTAGCAGGCAAGTGTGTAGCAGGTTAAGCACTGTGTGCATCGG 5474
Db 47805 TCAATTCATGCGCATGCTAGCAGGCAAGTGTGTAGCAGGTTAAGCACTGTGTGCATCGG 47864
```

QY 5475 CGACCCAGACACTGTTAAGGCTGATACAGTTACAGTGGGTATATACACCAAGTTTAC 5534
|||||
Db 47865 CGACCCAGACACTGTTAAGGCTGATACAGTTACAGTGGGTATATACCAACCACTTTAC 47924
QY 5535 CGATGCGCATCAAAACCGATGCTTGGTGGGCAATTAACATCCGTCGACCAAGTAA 5594
|||||
Db 47925 CGATGCGCATCAAGCCGATGCTTGGTGGGCAATTAACATCCGTCGACCAAGTAA 47984
QY 5595 CTCGGTCCCTTAGTAACTCTGCCATCATGTGCACACACGACGACACCAAGC 5654
|||||
Db 47985 CTCGGTCCCTTAGTAACTCTGCCATCATGTGCACACACGACGACCAAGC 48044
QY 5655 CAAAAAATCTAGCGGACAGAGGATCAACACACACAGAGTGCACAGGTTAA 5714
|||||
Db 48045 CAAAAAATCTAGCGGACAGAGGATCAACACACACAGAGTGCACAGGTTAA 48104
QY 5715 AGGCTTTGCTGGACAAAGCGGGTTGGTGGGTCCTCGTGGGTGCTGAGAACG 5774
|||||
Db 48105 AGGCTTTGCTGGACAAAGCGGGTTGGTGGGTCCTCGTGGGTGCTGAGAACG 48164
QY 5775 CCGTATCCAAATGTGGGACAGAGTGAAGTCCACACACACCATGGGCTCAATGG 5834
|||||
Db 48165 CCGTATCCAAATGTGGGACAGAGTGAAGTCCACACACACCATGGGCTCAATGG 48224
QY 5835 TAGCCAGTTGTAACAAAGCGACCCAAAGGATTGCCAACCAACCATGAGCTTGACCATCG 5894
|||||
Db 48225 TAGCCAGTTGTAACAAAGCGACCCAAAGGATTGCCAACCAACCATGAGCTTGACCATCG 48284
QY 5895 TATCCACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCAAGGATTTTCATCAGGATGGGAGTGGCGTC 5954
|||||
Db 48285 TATCCACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCAAGGATTTTCATCAGGATGGGAGTGGCGTC 48344
QY 5955 CATGCCACAAGCTTCATCTCGGACAGATCCATGTTACCGGGGTTATGGCACCCACAA 6014
|||||
Db 48345 CATGCCACAAGCTTCATCTCGGACAGATCCATGTTACCGGGGTTATGGCACCCACAA 48404
QY 6015 CGGTCAAGGTCGGTGGACAGTGGGACTGTCCAAAGCTGTGCGATTAATGCTCAATGGGTAAT 6074
|||||
Db 48405 CGGTCAAGGTCGGTGGACAGTGGGACTGTCCAAAGCTGTGCGATTAATGCTCAATGGGTAAT 48464
QY 6075 TAAATCAATGTTTCAGCGGATACCCAGGATGATAGGGGGGAGTGGTGGAGGTTT 6134
|||||
Db 48465 TAAATCAATGTTTCAGCGGATACCCAGGATGATAGGGGGGAGTGGTGGAGGTTT 48524
QY 6135 TCACCTT 6141
|||||
Db 48525 TCACCTT 48531

RESULT 11
AX079957 3135 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
LOCUS AX079957
DEFINITION Sequence 45 from Patent WO0107619.
ACCESSION AX079957
VERSION AX079957.1 GI:13159465
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM
Moraxella catarrhalis.
Moraxella catarrhalis
Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
Moraxella.
1 (bases 1 to 3135)
AUTHORS Loomore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.
TITLE Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of
Moraxella
JOURNAL Patent: WO 0107619-A 45 01-FEB-2001;
FEATURES
CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
LOCATION/Qualifiers
1..3135
/organism="Moraxella catarrhalis"
/db_xref="taxon:480"
BASE COUNT 1011 a 746 c 741 g 637 t
ORIGIN

Query Match 51.0%; Score 3132; DB 6; Length 3135;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 3132; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
QY 3010 GGTACGGTTTACCTTGGCATTAAACACACAGCGGCTTTAAAGCGGCAAAAGCACCTTA 3069
|||||
Db 1 GGTACGGTTTACCTTGGCATTAAACACACAGCGGCTTTAAAGCGGCAAAAGCACCTTA 60
QY 3070 AACGACGGTGGCTTGTCTATTAAACCCCACTGGTAGCCAAACAAATCCAAAGTGGTGT 3129
|||||
Db 61 AACGACGGTGGCTTGTCTATTAAACCCCACTGGTAGCCAAACAAATCCAAAGTGGTGT 120
QY 3130 GATGGCGTGAAGTTTGGCCAAAGGTTAATTAATAGTGTGTAGTGGTGGCTGATGGC 3189
|||||
Db 121 GATGGCGTGAAGTTTGGCCAAAGGTTAATTAATAGTGTGTAGTGGTGGCTGATGGC 180
QY 3190 ACAACTGCTATTACAGAGATGAATATGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCACTTGATTA 3249
|||||
Db 181 ACAACTGCTATTACAGAGATGAATATGGCTTTACTGGGACTAATGGCTCACTTGATTA 240
QY 3250 AGCAAAACCCCACTTAAGCAAGAGCGGATTAAGCAGGTGGTAAAGATTACCAACATT 3309
|||||
Db 241 AGCAAAACCCCACTTAAGCAAGAGCGGATTAAGCAGGTGGTAAAGATTACCAACATT 300
QY 3310 CAATCAGGTGAGATTGGCCAAAGAGCCATGATGCTGTGACAGCGCGCAAGATTATGAT 3369
|||||
Db 301 CAATCAGGTGAGATTGGCCAAAGAGCCATGATGCTGTGACAGCGCGCAAGATTATGAT 360
QY 3370 TTTAAACCGCACTTGAAACAAATTCAGAGTACTGGCCAAACAGCAAAACTCATTA 3429
|||||
Db 361 TTTAAACCGCACTTGAAACAAATTCAGAGTACTGGCCAAACAGCAAAACTCATTA 420
QY 3430 CACGATTCCTAGTAGAGATGAACAAAGTAAATTAATAGTGTAGTAACTTACTTC 3489
|||||
Db 421 CACGATTCCTAGTAGAGATGAACAAAGTAAATTAATAGTGTAGTAACTTACTTC 480
QY 3490 AGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCAATCACCTTTGCAAGTGAAGACGCAATTAC 3549
|||||
Db 481 AGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCAATCACCTTTGCAAGTGAAGACGCAATTAC 540
QY 3550 ACCAAGGTAAATTAAGGTGTGGTGGGCAATGACCAACCAAGGCTTAACACAG 3609
|||||
Db 541 ACCAAGGTAAATTAAGGTGTGGTGGGCAATGACCAACCAAGGCTTAACACAG 600
QY 3610 CCTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATATGAGCAAGGCAATGTCATTGACGCCAAATGCT 3669
|||||
Db 601 CCTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATATGAGCAAGGCAATGTCATTGACGCCAAATGCT 660
QY 3670 CAAATTAACCATCAGAGACTAAGCAACACTAGCTAATGTACCAATGATAAGGTAGC 3729
|||||
Db 661 CAAATTAACCATCAGAGACTAAGCAACACTAGCTAATGTACCAATGATAAGGTAGC 720
QY 3730 GTAGCACCACAGACAGGCAATTAATCAAGAGCAAGCAAAACCCGTCGCCAGC 3789
|||||
Db 721 GTAGCACCACAGACAGGCAATTAATCAAGAGCAAGCAAAACCCGTCGCCAGC 780
QY 3790 ATTGTTGATGTGCTAAGGCGAGCTTAACTTGCAAGGCAATGCTGAAGCGGTGACTTT 3849
|||||
Db 781 ATTGTTGATGTGCTAAGGCGAGCTTAACTTGCAAGGCAATGCTGAAGCGGTGACTTT 840
QY 3850 GTCTCCACTTATGACACCGGTCAACTTGGCCATGAGGCAACACCGGTAAGGTAGC 3909
|||||
Db 841 GTCTCCACTTATGACACCGGTCAACTTGGCCATGAGGCAACACCGGTAAGGTAGC 900
QY 3910 TATGATGACACAGCAAGCAAGCAAGTAAAGTGTCTGTATGATCAATGTGATGATCAAC 3969
|||||
Db 901 TATGATGACACAGCAAGCAAGCAAGTAAAGTGTGTGATGATCAATGTGATGATCAAC 960
QY 3970 ATTGAAGTTAAAGATTAAGAACTTGGGCTTAATAAACACACATGACAGTATGGCACA 4029
|||||
Db 961 ATTGAAGTTAAAGATTAAGAACTTGGGCTTAATAAACACACATGACAGTATGGCACA 1020

QY	4030	GGTGTATATAATTTGCCCTTAAGCATCAAGCTACTGGCGATGGCGTTGTCAAGCCAGT	4083
Db	1021	GGTGTATATAATTTGCCCTTAAGCATCAAGCTACTGGCGATGGCGTTGTCAAGCCAGT	1080
QY	4090	GATATCGTTCATCATTAACACCTTATGTGGCGATCTCAACAGTCCCAAGGGGCAAGC	4149
Db	1081	GATATCGTTCATCATTAACACCTTATGTGGCGATCTCAACAGTCCCAAGGGGCAAGC	1140
QY	4150	CAAGCGAACAACCTCAGCAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTCATCTATGACAGT	4209
Db	1141	CAAGCGAACAACCTCAGCAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTCATCTATGACAGT	1200
QY	4210	ACCGATPAACAATCTATCAAGCCAAAATGATGGCAACATTGATTAACCAAGAAAGTT	4269
Db	1201	ACCGATPAACAATCTATCAAGCCAAAATGATGGCAACATTGATTAACCAAGAAAGTT	1260
QY	4270	GCCAAACACAACTGGGCGGCCCAAGCCCAACCCGATGGGACATTGGCTCAATGAT	4329
Db	1261	GCCAAACACAACTGGGCGGCCCAAGCCCAACCCGATGGGACATTGGCTCAATGAT	1320
QY	4330	GTCAAATCAGTCATTTAACAAGAACAGTAATGATGGCAATTAAGAACCAAGGCATCAAT	4389
Db	1321	GTCAAATCAGTCATTTAACAAGAACAGTAATGATGGCAATTAAGAACCAAGGCATCAAT	1380
QY	4390	GAMGACACAGCCCTTTGTTAAAGACTTGAAAAAGCCGCTTGATACAAAACCAAAAC	4449
Db	1381	GAMGACACAGCCCTTTGTTAAAGACTTGAAAAAGCCGCTTGATACAAAACCAAAAC	1440
QY	4450	GCGCATACCTGTGGGTGATTAATGGCGTTGGCCAAACCGCGTACCTTGCGAGGG	4509
Db	1441	GCGCATACCTGTGGGTGATTAATGGCGTTGGCCAAACCGCGTACCTTGCGAGGG	1500
QY	4510	GATPACAGGCAACAGGCTAAAAAACTGGGCGAGACTTTGACCATCAAAAGTGGGCAACA	4569
Db	1501	GATPACAGGCAACAGGCTAAAAAACTGGGCGAGACTTTGACCATCAAAAGTGGGCAACA	1560
QY	4570	GACACCAATAGCTAACCCGATTAACATCATGGTGTGTGAGCAGTACTGATGGCTCACT	4629
Db	1561	GACACCAATAGCTAACCCGATTAACATCATGGTGTGTGAGCAGTACTGATGGCTCACT	1620
QY	4630	GTCAAATGGCCAAACACCTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGCAGGTTGGCAACCAATT	4689
Db	1621	GTCAAATGGCCAAACACCTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGCAGGTTGGCAACCAATT	1680
QY	4690	GATPACAAAGGCGTCTCTTTTGTAGACTCAACGGGTCAAGCCCAAGCAACCCCTGTG	4749
Db	1681	GATPACAAAGGCGTCTCTTTTGTAGACTCAACGGGTCAAGCCCAAGCAACCCCTGTG	1740
QY	4750	CTAAGTCCAAATGGGCTGGAAGCTGGGTGGCAAGTTCATCAATGATGTGGGCAAGGCACA	4809
Db	1741	CTAAGTCCAAATGGGCTGGAAGCTGGGTGGCAAGTTCATCAATGATGTGGGCAAGGCACA	1800
QY	4810	AAAGATACCGACGCTGCCAATGTACAAACGTTAAACGAAAGTACCGCACTTGTGGGCTT	4869
Db	1801	AAAGATACCGACGCTGCCAATGTACAAACGTTAAACGAAAGTACCGCACTTGTGGGCTT	1860
QY	4870	GGTATATCTGTATGATAAAGCTGAGCGCAATCAAGTAAACATTGGCGCATCAAAAAA	4929
Db	1861	GGTATATCTGTATGATAAAGCTGAGCGCAATCAAGTAAACATTGGCGCATCAAAAAA	1920
QY	4930	GACCAAAATTCAGGTTTCATCATCTAACCACGACTGTATCAAGACGAGCGGTACTTGGC	4989
Db	1921	GACCAAAATTCAGGTTTCATCATCTAACCACGACTGTATCAAGACGAGCGGTACTTGGC	1980
QY	4990	GGTAAAGTAAATTAACGATACCGGAAAACTTGGCACTGGTGGTATCAAGTGGGCGTGAT	5049
Db	1981	GGTAAAGTAAATTAACGATACCGGAAAACTTGGCACTGGTGGTATCAAGTGGGCGTGAT	2040
QY	5050	AAAGACGGCAACGCTTAACGGCGATTTAAACCAATGTTGGGTCAAAAACCAAAAAGATGGC	5109
Db	2041	AAAGACGGCAACGCTTAACGGCGATTTAAACCAATGTTGGGTCAAAAACCAAAAAGATGGC	2100
QY	5110	AGCAAAAAAGCCCTGTGCGCAATTTAAACGGCGGAGTGCAGACCAACATATTTGACCAAC	5169

Db	2101	AGCAAAAAGACCCTGCTCGCCACTTAAAGCCGCGAGGTCAAGCAACTATTGGCCAAAC	2160
Qy	5170	AAACCCCGCAACACCCATTGACAAATAAATAAGAAAGATATCCGTTCTTCATATGTCAAC	5229
Db	2161	AAACCCGCGCAAGACGATTTGACAGAAATAAATAAGAAAGATATCCGTTCTTCATATGTCAAC	2220
Qy	5230	GATGGCATCAAGAGCCTGTGGTACAAAGGGCGTTAACGGCATTGACTCAAGTGCCTCAAGC	5289
Db	2221	GATGGCAATCAAGAGCCTGTGGTACAAAGGGCGTTAACGGCATTGACTCAAGTGCCTCAAGC	2280
Qy	5290	AAGACATCAATGGCGATAGGTTTCCAGGGCAAGGCGAAGATAGTGAAGCCGCGGTGGCATA	5349
Db	2281	AAGACATCAATGGCGATAGGTTTCCAGGGCAAGGCGAAGATAGTGAAGCCGCGGTGGCATA	2340
Qy	5350	GGCAGACAACCCCAAGCAGGCAACCAATCATCCGATCGATGGTGAATACGCAACAGCCAG	5409
Db	2341	GGCAGACAACCCCAAGCAGGCAACCAATCATCCGATCGATGGTGAATACGCAACAGCCAG	2400
Qy	5410	GGCGATCAATCATCGCCATCGCTTACAGGCAATGTGTGATAGCAGGTAAAGCATTGTGTGCC	5469
Db	2401	GGCGATCAATCATCGCCATCGCTTACAGGCAATGTGTGATAGCAGGTAAAGCATTGTGTGCC	2460
Qy	5470	ATCGGGAGCCCAAGCACTGTTAAGGGCTGAATACAGTTACAGTGGGTGAATAACAAACAG	5529
Db	2461	ATCGGGAGCCCAAGCACTGTTAAGGGCTGAATACAGTTACAGTGGGTGAATAACAAACAG	2520
Qy	5530	TTTACCGATGCCACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGTGGGCAATACATACCGTGAACCGAA	5589
Db	2521	TTTACCGATGCCACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGTGGGCAATACATACCGTGAACCGAA	2580
Qy	5590	AGTAACTCGGTTGCTTAACTAGGTTCAAACTCTGCCATCATGTGCAAGGCAACAGCAGGACA	5649
Db	2581	AGTAACTCGGTTGCTTAACTAGGTTCAAACTCTGCCATCATGTGCAAGGCAACAGCAGGACA	2640
Qy	5650	CAACGCCAAAAAATCTGACGGCCACAGAGGTACACACCAAGCAGAGGTGCACAAACCGGTACG	5709
Db	2641	CAACGCCAAAAAATCTGACGGCCACAGAGGTACACACCAAGCAGAGGTGCACAAACCGGTACG	2700
Qy	5710	GTTTAAAGCTTTGCTGTGACAAAGGGCGGTTGGTGCGGTCCTCGTGGGTGCGTCAAGTGCT	5769
Db	2701	GTTTAAAGCTTTGCTGTGACAAAGGGCGGTTGGTGCGGTCCTCGTGGGTGCGTCAAGTGCT	2760
Qy	5770	GAAACCGCGTATCCAAAATGTGSCAGCAGGTGAAGTCAAGTCCACACGACCGATGCGGTC	5829
Db	2761	GAAACCGCGTATCCAAAATGTGSCAGCAGGTGAAGTCAAGTCCACACGACCGATGCGGTC	2820
Qy	5830	AATGATGACGAGTTGTCAAAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAAGCAACCAATGAGTTATAC	5889
Db	2821	AATGATGACGAGTTGTCAAAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAAGCAACCAATGAGTTATAC	2880
Qy	5890	CATGATATCCACCAAAACGAAAAATAAGGCCAATGACGGGATTTTCATCAAGCGATGGCGATG	5949
Db	2881	CATGATATCCACCAAAACGAAAAATAAGGCCAATGACGGGATTTTCATCAAGCGATGGCGATG	2940
Qy	5950	GGCGTCAATGCCACAAGCCTCATATCTCGGCAGATCATGTTTACCGGGGGATTTGCGCAC	6009
Db	2941	GGCGTCAATGCCACAAGCCTCATATCTCGGCAGATCATGTTTACCGGGGGATTTGCGCAC	3000
Qy	6010	CACAAAGGTCAAGGTGCGGTGGGCAAGTGGGCACTGTCAACCTGTGCGATTAATGTCAAAAG	6069
Db	3001	CACAAAGGTCAAGGTGCGGTGGGCAAGTGGGCACTGTCAACCTGTGCGATTAATGTCAAAAG	3060
Qy	6070	GTAATTTAAATCAATGTTTATAGCCGATATCCCAAGGCGCATATGATGGGGCGGCAAGTTGGTCA	6129
Db	3061	GTAATTTAAATCAATGTTTATAGCCGATATCCCAAGGCGCATATGATGGGGCGGCAAGTTGGTCA	3120
Qy	6130	GGTTTTCACATT 6141	
Db	3121	GGTTTTCACATT 3132	

RESULT 12

AY077638 7286 bp DNA linear BCT 28-JUL-2002
LOCUS AY077638
DEFINITION Moraxella catarrhalis strain O12E hemagglutinin (hag) gene,
complete cds.
ACCESSION AY077638
VERSION AY077638.1 GI:22000941
KEYWORDS
SOURCE Moraxella catarrhalis.
ORGANISM Moraxella catarrhalis
Bacteria: Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
Moraxella.
REFERENCE 1 (bases 1 to 7286)
AUTHORS Pearson,M.M., Lafontaine,E.R., Wagner,N.J., St Geme,J.W. III and
Hansen,E.J.
TITLE A hag Mutant of Moraxella catarrhalis Strain O35E Is Deficient in
Hemagglutination, Autoagglutination, and Immunoglobulin D-Binding
Activities
JOURNAL Infect. Immun. 70 (8), 4523-4533 (2002)
PUBMED 12117964
REFERENCE 2 (bases 1 to 7286)
AUTHORS Pearson,M.M., Lafontaine,E.R., Wagner,N.J. and Hansen,E.J.
TITLE Direct Submision
JOURNAL Submitted (29-JAN-2002) Microbiology, University of Texas
Southwestern Medical Center, 5323 Harry Hines Blvd, Dallas, TX
75390-9048, USA
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..7286
/organism="Moraxella catarrhalis"
/strain="O12E"
/db_xref="taxon:480"
261..7205
/gene="hag"
261..7205
/gene="hag"
/note="autoagglutinin; binds Homo sapiens IgD"
/codon_start=1
/transl_table=1
/product="hemagglutinin"
/protein_id="AAL78285.1"
/db_xref="GI:22000942"
/translation="MNHIKYVIFNKATGTFMAVAEYAKSHSTGSCATGOVVCYLLS
FARVALAVLVIGATLGSAAVONIGSKIKCTGTGNGNDANDEAPASLAKADG
NOSVALIGSKRPDHPNOANONAGSHAKQESIAIGCVLADGADSIAGSDLLNKR
DGSNKHSGPLNTLLOHNRVLSQIRSSDONSVKRTTAEHASTAGAMVAAGHES
NAEGRATAEGLAVGLAKAKGYTIAVSAOAIISYGTIAGDTQVNDYVA
LGYSQILLNNNNNNNAVIPKSESKIINODHKAQHGLFSGISIRKILNVAGAG
DTPDAVNOAKAVEYLANRKITFGDSGGVQKGLNELITIKGETTDNKLADNNIG
VVKDNGSGLKAKLTLGLAVTOMLTATGATVNTGTATLNSGLTFSSSTPE
GTNSKTYGIDGLKFTDSDVALENTRITRIKQYFSKAGTVDESKFYLDKELVGS
NSTLNNGLVNNNAVNOQIOVADGIRFADVNGSTVTVGTTHAEDKIGFAGADGR
VDSAPYLDKQIOLVGVKITYKDSINAGDQKISNVADQTDTPDAVYKOLQVQDA
DGALOSFSIRDEKQEFITISLYNGNTPNFETIAGENGISISNDIAKGVKGI
DOTNGLTTPKLTGVKDONATOLVIOVAGTNGNCTKNIIRLSPTLPSIASQSRNE
OGNTTDEDESKKASSTDILNTGPNKNDGADPESTYVTFISGNATTAATYTD
SAKOISTVTTDVANDNKTIELTGDNKTKIGVATLTLLTSTGNATNESTDDNAL
VNAADLAGNLTNLAGEIHTTKGTADTALQTFEYKDKATDELTITVKDQONQNTVA
TLTKENGSLIKTDKNGTFFGINTOSGLAKGDNITLNRKDSIKRPTSEIOVGA
DGYKFAVDKGAAGAAGAGIDGTSRITKDOIAGFANSQGOVDINKPHLTKOKLXVEE
ITNNGINAGKKTITNIGSDTIONSDAVNGKTYDKTELESKINSTRAKOASLIEH
FSVADDEGNHFTYSNPYSSYDTSKTSVITTFVGENGTITKYKKNKSVAVGIDTGLTT
PKLTVGNNNGKGLVDSKQONTITGNSNTLANVTNGAGALSOGLANDDKTRRAS
IGDLVNGFNLOGEAVDFVSTYDVFIDGNATTAATYDDTKQSTVTVDVNVD
TTLTEVKGKLGKVTTLTSTGTANKRFALSNQATDALVYASDVAHLNLTLSGLOIA
KGQAQAAQOAMMLAIKSSMTVPIRSTIKSMTRVKTRKRSKPTNMSPKPKDNG
TLQOMNVKSVINKEOVNDANKOGINEDNAFVGLKRAASDNKKNAAVYVGDNLNVA
OTPLTPAGDPTTAKKLGELTITKGGOTDNKLTDNNGIYVAGTGGFTVKLAKUTLVA
NSVAVGKLTIDENGISFVDANGAKANTPVLSAGDLGGRISINIAAADNDNVAF
KQNEVAKTNNVNNNOSNGSLPEFVYVTDGKGINCTDGRPOKAIAGADKNYHANV
NGYVDKADGDTDAKLANLAVHGRPLDGHVYVAVLGSNDITLTKNISTLPQIA
TPNGNANAGAOASLPISLAAOOSNAASVDVNLVGNLTQHNQOVPEKAYDVNVY
NGTGADTTSVRADGTSNTITATLADDDGVLLKANDGKRYKADDLMPNSLKA
GKSASDAKTPTEGLSVPNADKSTGDAVALNNLSKAVFSSKSDTITTTVSSDSISIO
GKDNSTITLSDGLNVGKVISNVGKTQTDANAVOULEVRNLGLGNAGNDNADG

NOVNIADIKDPDNGSSSRNRYIKAGTVLGGKNNDEKIAATGSGVGVDPKDNANGD
LSNVWKTOKOSSKALLATYNAACQTYLNNPBAIDRINEQISREFFHYNDQOEP
VYQGRNGIDSSASGSHSVATIGKAKADEBAHAALICRQDAGNOSTAICDNQATGDOS
IALIGTNVAGKHSGAIGDPSTVRKADNSVGNNNQFDTADOTDQDVGNNTTRESN
SVALGSNIAISAGTHAGTQAKSDDEATCTTATTAAGTAVGAGTAAVAGSVASGA
ERRIÖNVNAGEVATSTDAVNSOLYKATQSGTANATNEDHRIHONENKANAISAM
AMASMPQAYIPORSMVVTGCIATHNGQAVAVGLSLSDNGQWVFIRNSADTPQCHVGA
AVGGEFHP"
BASE COUNT 2392 a 1684 c 1606 g 1604 t
ORIGIN
Query Match 44.5%; Score 2734.2; DB 1; Length 7286;
Best Local Similarity 68.4%; Pred. No. 0;
Matches 4916; Conservative 0; Mismatches 978; Indels 1299; Gaps 30;
QY 1 ATGAATCAATCTATTAAGTCATCTTTAACAAAGCACAGGCACATTTATGCGAGTGGCA 60
DB 261 ATGAATCAATCTATTAAGTCATCTTTAACAAAGCACAGGCACATTTATGCGCGTGGCA 320
QY 61 GAGTACGCCAAATCCACAGCACAGGGGGGAGCTGTGTCTACAGGGCAAGTGGCAGT 120
DB 321 GAGTACGCCAAATCCACAGCACAGGGGGGAGCTGTGTCTACAGGGCAAGTGGCAGT 377
QY 121 GTATGCACTGTGAGCTTTGCGCGTATTTGCGCGCTGCTGCTGCTGATCGGTGCAACG 180
DB 378 GTATGCACTGTGAGCTTTGCGCGTATTTGCGCGCTGCTGCTGCTGATCGGTGCAACG 437
QY 181 CTCAGTGGCAGTCTTATTCCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTTGCTAGACAA 240
DB 438 CTCAGTGGCAGTCTTATTCCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTTGCTAGACAA 493
QY 241 AACCAAGCCAAAGCGCTCAGCAGCTCCCAAGGCGGAGGATCGAGCCATTGCTATTGGT 300
DB 494 AGCCAAACACAGC-----ATGCGAGGGGAGCAAGACATGATCCCTTCTATTGGT 545
QY 301 GAAATGCTTACGACACAGGCGGCTCAAGCCATCGCCATCGTAGTAGTAA--TAAACT 357
DB 546 ACTCTTCTAAAGCAGATGCGCAATCATCTGTTGCTATCGGTGATGAGCAAAACATCTCT 605
QY 358 GTCATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGGTAGTACGATGCTAAGGAGCAAGTCCATCGCC 417
DB 606 CATTAATCAACAGGCTAATACAGAGGCGAGTTCACAGCCAAAGGTGTAAGATCCATCGCC 665
QY 418 ATCGGTGTGATGTAAAGCGTAAAGTGTGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGATGATGAT 477
DB 666 ATCGGTGTGATGTAAAGCGTAAAGTGTGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGATGATGAT 725
QY 478 CATTTGCTTGTATCAGATGTATATCTTAACATCCGAAAGTACTCTGTATACAGATCTT 537
DB 726 TATTTGAATTAATAGGATGTGTAGCAATTAACAT--ACAAAGTGTCCAATTAACACTTTG 782
QY 538 ATTAACGGCGATGCGATTTAAAGAAATAGCAAGCTCAAGAGTAAATAGTAAATAT 597
DB 783 ATTAACAAACATAGATTTAAAGCAAAATAGCAAGCTCAAGAGTAAATAGTAAATAT 842
QY 598 AGACGCACAACCGCAAGGCGAGCACCGCATCTGAGTGGGAGCGCATGTCATATGACACAG 657
DB 843 AGACGCACAACCGCAAGGCGAGCACCGCATCTGAGTGGGAGCGCATGTCATATGACAAAG 902
QY 658 GGTCAATTTTCCAAAGCCTTTGGTATACAGGCGCAAGCTTAAAGTGCCTATTCTTTGCA 717
DB 903 GGTCAATTTTCCAAAGCCTTTGGTATACAGGCGCAAGCTTAAAGTGCCTATTCTTTGCA 962
QY 718 GTGGGTCTTGGCGGCACAGCGGAGCGCAATCTCAATTCGCTATTGGTGTGATGACACA 777
DB 963 GTGGGTCTTGGCGGCACAGCGGAGCGCAATCTCAATTCGCTATTGGTGTGATGACACA 1022
QY 778 TCTAGCTGTTGGAGGACATAGCCCTTGTGAGGAGTACTGCTGCTACCTACAGGGCAGT 837
DB 1023 GCTATACAGTATATGACAAATATACCCATTGTGTGACAGTACTCAAGTTAATTTGGATTACGCT 1082
QY 838 ATTGCCCTAAGTCAAGGTTCTGTGTGTCTACAGAGTGAATTAATTTCTAGACCGGCTAT 897

Db 1083 GTTGCCCTAGCTTATGTTCTCAATCCCTTAATTAATTAATTAATTAATGCTAT 1142
 QY 898 ACACCAANTACCCAGCAGCTACACCCCAAGTTCAAGCCACCAATTAATTCGAAGGGGT 957
 Db 1143 ATACCAAGAGTAGTAGTCAAAAATTAATA--CCAGATCATTAAGGCCCAACATGGT 1199
 QY 958 CCACCTTCATGAGTAGTACCTATCAAAACGTAAATCATCATGTCGGTCAGGTGT 1017
 Db 1200 TTATTTTCATGAGTAGTACCTATCAAGCCTAAATCATCATGTCGGTCAGGTAT 1259
 QY 1018 AATAAACCAGTGGCTCATGTGACACAGCTAGAAAGCGGTGGTGAATGGCTAAGAG 1077
 Db 1260 GATGACACCGATGGCTCATGTGACACAGCTAAGAGCGGTGGATGCTGCTA--AT 1316
 QY 1078 GGTAAATTAATCTTACAGGTGATGATACACTAGCTAGCTAATAATGATGTTGATAT 1137
 Db 1317 GGTAAATTAATCTTACAGGTGATGATACACTAGCTAGCTAATAATGATGTTGATAT 1373
 QY 1138 ACTTAACTATTAAGGCTGTG-----CAGACCAACGCAATTAACGATATATATC 1191
 Db 1374 ACCGTAACATTAAGGGGGGTGAGAACAGATTAACAACTAGCGATGATATATATC 1433
 QY 1192 GGTGTGTAAAGAGGCTGATATATGTGCTGAAAGTTAACTGCTAATAACTTTAAC 1251
 Db 1434 GGTGTGTAAAGAGGCTGATATATGTGCTGAAAGTTAACTGCTAATAACTTTAAC 1490
 QY 1232 AATCTTACGAGTGAATACACTACATTAATGSCACACACAGCTTAAGTAGTACT 1311
 Db 1491 GGTCTTGAAGCAGTTAACAACGCAAAACCTAACCCGACGCTGATACCGT--TAAT 1547
 QY 1312 AGTAGTACTACTACAGCTGATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1371
 Db 1548 ACTGTACTAACAACGCGCAATTAATTAACAGTGGTTAACTTTA--GTTACAGCACT 1604
 QY 1372 GGCAGTCAAGACACAAACCGCTATGCGCTTAATGGGCTGAATTTACTAATAT 1431
 Db 1605 CCCCCGACACCAACAGCAAAACCGCTATGCTGATGATGATGATGATGATGATGAT 1664
 QY 1432 GCAGAAACACACAGCAATGGCACTACTGCTATTAACAGAGATTAATGCTTGGT 1491
 Db 1665 TCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1721
 QY 1492 CGAGATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1551
 Db 1722 AATAAGCTGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1781
 QY 1552 GGTAGTGTTCATTAACATAGACAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1602
 Db 1782 GGTAGTGTTCATTAACATAGACAAATGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1841
 QY 1603 ATCAGTAACTTGTGCAAGGTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCT 1662
 Db 1842 ATCAGTAACTTGTGCAAGGTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCT 1901
 QY 1663 GCGGCCAAGCCTACTTTAAACGACGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1722
 Db 1902 GTCGGCAGCTGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1961
 QY 1723 GTTGTGCTAGAGTGGCATGTTTACCGCCCACTTACAACTTGGCTGAAACACAC 1782
 Db 1962 GATACAGCTTCAACATTTTGAATTAATAAACAACCTTCAAGTGGGTGATTTAAATAC 2021
 QY 1783 GATGCTTAACAGTGGCTGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCT 1842
 Db 2022 AATAGACATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 2080
 QY 1843 ACCTTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1902
 Db 2081 -----AGATACGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2135
 QY 1903 AGTGTCTTACAAAGCTTTACCGCTTAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1962
 Db 2136 GGTGCTTACAAAGCTTTCTCTATGCTGATGATAAAGAGTACAGAAATTTA----- 2184

QY 1963 GTGGCTAAGATACGACAAAATAATGCGGCGAGCTGAGCATCTTAATGCTAAAGTAA 2022
 Db 2185 -----CGATTAGTACTTGTATTTCTTAATGTTAAT 2213
 QY 2023 AACGGCTACAGGCTGCTACCAAAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2082
 Db 2214 ACCCCAAATACCTTTGAGGCA-----TCACCTTTCAGGTGAAACGCGC 2258
 QY 2083 AGCGCTACACCTTTGGCAAAAGCACCCTAACACGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2142
 Db 2259 ATCAGTATGAGCAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2298
 QY 2143 AACGAACAATCAAGTGGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGAT 2202
 Db 2299 ----- 2298
 QY 2203 CCAGTACTGCGATGCAATACCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2262
 Db 2299 -----TTGGCATGACCAAAACGCGCTCACCAGCTTAAGCTGACCGTGAATAA 2351
 QY 2263 TCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2322
 Db 2352 GATCAAAATGCACT-----CAATTGCTT 2375
 QY 2323 AATGTTAAGATTAACAACAGCTGCTTAACGCGAGTGTAAAGCCTACAGGCTGCTGCT 2382
 Db 2376 ATTAGCAAGTGGCTTGACCTTAACGCTTAACGCGACCAAAACATCTTAAGAGATGCTC 2435
 QY 2383 CCAACACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2441
 Db 2436 CCAACACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2495
 QY 2442 --CCAAGACAAAGACAAATCCAAAGCTGCGAGATTAATGATTAATTAATGAGCTTT 2499
 Db 2496 ACCAGGAGCAAAATCCAAAGCTGCGAGATTAATGATTAATTAATGAGCTTT 2555
 QY 2500 AACCTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 2559
 Db 2556 AACCTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2615
 QY 2560 GCCAATGCAATGCAACACCGCGCAGATTAACCATGATTAACCATGATTAACCATGATTA 2619
 Db 2616 ATGATGCAACCGCGCAGATTAACCATGATTAACCATGATTAACCATGATTAACCATGAT 2675
 QY 2620 GTGCTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2678
 Db 2676 GTACTTATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2735
 QY 2679 --TAAATAACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2736
 Db 2736 ACAACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2795
 QY 2737 GCAACTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2796
 Db 2796 AC-----CAATTTAGTACACCGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2846
 QY 2797 GCGCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2856
 Db 2847 GCGCAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2906
 QY 2857 GCGCTAACAACCTTTACCGCTTAAAGGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 2916
 Db 2907 GCGCTAACAACCTTTAAAGTCAAAAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 2960
 QY 2917 GCCATACCGGTGGTCAAAAG 2976
 Db 2961 ACCGTGGTAAAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 3020
 QY 2977 GAAAAGGCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3036
 Db 3021 GAAAAGGCTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3080

Dh 5234 CAACATCAAGTCCACTTTGGCCACAATTTGCACACCAACCAAGAGTAATGCCAATGACAGG 5293
Qy 4780 ----- 4779
Db 5294 GCAGGCCAAGAGTGTGCCAGCCTATTCAGCAGCAGCAAGTAATGCTGCCAGTGTCAA 5353
Qy 4780 ----- 4779
Db 5354 AGATGTGTAATATGAGGCTTTAACTTGCAGACCAATCAATCAATCAATGACTTTGTCAA 5413
Qy 4780 ----- 4779
Db 5414 AGCCTATGATACCGTCACTTTTGTCAATGTACAGGTGCGCAGATCAGACAGCGTGTAG 5473
Qy 4780 ----- 4779
Db 5474 TGTGTATGGCAGATGAGTAACATCACCCTGTAACACCGCCTTGTAGCAGCGACGATGATGA 5533
Qy 4780 ----- 4779
Db 5534 TGGCAATGTGCTTATCAAGCCAAAGATGTAAAGTTTACAAAGAGAGAGACGACTGTGCG 5593
Qy 4780 ----- 4779
Db 5594 AAAGGCTCACTAAAGAGCAGCAATATCAGCAGTGTGCAAAACTCCAACTGCTTAAG 5653
Qy 4780 ----- 4779
Db 5654 CTTTGTAAACCCCATGTCTGATTAAGGAGTACAGGCGATGCAATGCTTAAATACCTT 5713
Qy 4780 ----- 4779
Db 5714 ATCAAAACGGTATTTAAATCCAAAGATGTACAACTACTACCAAGTAAAGTCTGATGG 5773
Qy 4780 ----- 4779
Db 5774 CATGATATCCAGGAAGATTAACAGCAGATCACTCACTAAGCAAGATGGGCTGAATGT 5833
Qy 4780 ----- 4779
Db 5834 AGCGGTAAGGTCATCAGCAATGTGGTAAAGGCAAAAGATACGAGCGTGCCTAATGT 5893
Qy 4833 ACAACAGTTAAACGAAAGTACGCAACTTGTGGTCTTGTGTAATGCTGTAATGATTAAGC 4892
Db 5894 ACAACAGTTAAACGAAAGTACGCAACTTGTGGTCTTGTGTAATGCTGTAATGATTAAGC 5953
Qy 4893 TGAGGCGCATGAGTTAAACATTGCGCATCAAAAAAGCCAAATTCAGTTTCATC 4952
Db 5954 TGAGGCGCATGAGTTAAACATTGCGCATCAAAAAAGCCAAATTCAGTTTCATC 6013
Qy 4953 TAACCGCACTGTCAATCAAGAGCAGGAGTCTTGGGCTAAAGTAAAGTAAATGATACGCA 5012
Db 6014 TAACCGCACTGTCAATCAAGAGCAGGAGTCTTGGGCTAAAGTAAATGATACGCA 6073
Qy 5013 AAAAATTGCACTGTGTATACAGTGGCGTGGATTAAGAGCGCAACGCTTAAGCGCA 5072
Db 6074 AAAAATTGCACTGTGTGTATACAGTGGCGTGGATTAAGAGCGCAACGCTTAAGCGCA 6133
Qy 5073 TTTAAGCATGTTGGTCAAAACCCAAAGATGCGCAAAAAAGCCCTGCTGCCAC 5132
Db 6134 TTTAAGCATGTTGGTCAAAACCCAAAGATGCGCAAAAAAGCCCTGCTGCCAC 6193
Qy 5133 TTTAAGCGCGCAGGTGACCAACTATTTGACCAACAACCCCGGAGAAAGCATGACAG 5192
Db 6194 TTTAAGCGCGCAGGTGACCAACTATTTGACCAACAACCCCGGAGAAAGCATGACAG 6253
Qy 5193 AATAAATGAACAGGTATCCCTTCTTCATGTCAACAGTGGCATCAAGAGCTGTGGT 5252
Db 6254 AATAAATGAACAGGTATCCCTTCTTCATGTCAACAGTGGCATCAAGAGCTGTGGT 6313
Qy 5253 ACAAGGCGTAACGGCATTTGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCATCAAGTGGCGATAGTTT 5312
Db 6314 ACAAGGCGTAACGGCATTTGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCATCAAGTGGCGATAGTTT 6373

Qy 5313 CCAGGCGAAGGAGATGTTGAAGCGCGTGGCATAGGACAGACAACCAAGCAGGCA 5372
Db 6374 TAAGGCCAAGGAGATGTTGAAGCGCGCTTGCATAGGACAGACAACCAAGCAGGCA 6433
Qy 5373 CCAATTCATGCGCATCGATGATTAAGCAGACAGCAGGCGATTCATTCATCGCCATCGG 5432
Db 6434 CCAATTCATGCGCATCGATGATTAAGCAGACAGCAGGCGATTCATTCATCGCCATCGG 6493
Qy 5433 TACAGCAATGTGTAGCAGGTAAAGCAGTCTGTGTCATCGCGACCAAGCATGTTAA 5492
Db 6494 TACAGCAATGTGTAGCAGGTAAAGCAGTCTGTGTCATCGCGACCAAGCATGTTAA 6553
Qy 5493 GGCTGTACAGTTACAGTGGTGGTAAATTAACAACAGTTTACGATGCCATCAACGCA 5552
Db 6554 GGCTGTACAGTTACAGTGGTGGTAAATTAACAACAGTTTACGATGCCATCAACGCA 6613
Qy 5553 TGTCTTGTGTGGCAATTAACATCACCGTGACCCGAAATTAAGTGTGCTTGTAGTTTC 5612
Db 6614 TGTCTTGTGTGGCAATTAACATCACCGTGACCCGAAATTAAGTGTGCTTGTAGTTTC 6673
Qy 5613 AAACCTGCGCATGATGACAGGACACAGCAGGACACAGCCAAAGCAAAATTCAGCGCAC 5672
Db 6674 AAACCTGCGCATGATGACAGGACACAGCAGGACACAGCCAAAGCAAAATTCAGCGCAC 6733
Qy 5673 AGCAGGTACACACACAGCAGGAGTGAACCGGTAAAGGCTTGTGGACAAAC 5732
Db 6734 AGCAGGTACACACACAGCAGGAGTGAACCGGTAAAGGCTTGTGGACAAAC 6793
Qy 5733 GCGGTTGTGTGGCTCCGTGGTGCCTCAGGTGTGTAAGCCGATATCAAAATGTGGC 5792
Db 6794 GCGGTTGTGTGGCTCCGTGGTGCCTCAGGTGTGTAAGCCGATATCAAAATGTGGC 6853
Qy 5793 AGCAGGTAGTGTGATGTCACACAGCAGCAGTGGTCAATGTTAGCAGTGTACAAAGC 5852
Db 6854 AGCAGGTAGTGTGATGTCACACAGCAGCAGTGGTCAATGTTAGCAGTGTACAAAGC 6913
Qy 5853 CACCCAAAGCATTTGCCAACGCAACCAATGAGTTCAGTATTCACCAACCAAGCAAA 5912
Db 6914 CACCCAAAGCATTTGCCAACGCAACCAATGAGTTCAGTATTCACCAACCAAGCAAA 6973
Qy 5913 TAAGGCAATGAGGATTTATCAAGCGATGAGCGGTGCATCCCAAGCCATCAT 5972
Db 6974 TAAGGCAATGAGGATTTATCAAGCGATGAGCGGTGCATCCCAAGCCATCAT 7033
Qy 5973 TCTTGCAATTCATGTTTACCGGGGTATTTGCCACCAACGGTCAAGGTGCGTGGC 6032
Db 7034 TCTTGCAATTCATGTTTACCGGGGTATTTGCCACCAACGGTCAAGGTGCGTGGC 7093
Qy 6033 AGTGGACTGTGGAAGCTGTGGAATATGATGATGATTAATGATTAATGATGATGATG 6092
Db 7094 AGTGGACTGTGGAAGCTGTGGAATATGATGATGATTAATGATTAATGATGATGATG 7153
Qy 6093 CGATACCCAAAGCCATGTAAGGCGGCGCACTTGTGCGAGTTTCACTTT 6141
Db 7154 CGATACCCAAAGCCATGTAAGGCGGCGCACTTGTGCGAGTTTCACTTT 7202

RESULT 13

AX079922 6942 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
DEFINITION Sequence 10 from Patent W00107619.
ACCESSION AX079922
VERSION AX079922.1 GI:13159441

SOURCE

ORGANISM

Moraxella catarrhalis.
Moraxella catarrhalis
Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;

REFERENCE

1 (bases 1 to 6942)
AUTHORS Loomore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.
TITLE Recombinant hgh molecular weight major outer membrane protein of moraxella

JOURNAL Patent: WO 0107619-A 10 01-FEB-2001;
CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..6942
/organism="Moraxella catarrhalis"
/db_xref="taxon:480"
BASE COUNT 2286 a 1621 c 1564 g 1471 t
ORIGIN

Query Match 42.2% Score 2590; DB 6; Length 6942;
Best Local Similarity 66.9%; Pred. No. 0; Indels 1269; Gaps 28;
Matches 4802; Conservative 0; Mismatches 1105;

QY 1 ATGAATCAATCTATTAAGTCACTTTTAACAAGCCACAGGCACATTTATGSCATGGCA 60
DB 1 ATGAATCAATCTATTAAGTCACTTTTAACAAGCCACAGGCACATTTATGSCATGGCA 60
QY 61 GAGTACGCCAATATCCACACAGCGGGGGGAGCTGCTGCTACAGGGCAAGTTGGCACT 120
DB 61 GAGTACGCCAATATCCACACAGCGGGGGGAGCTGCTGCTACAGGGCAAGTTGGCACT 120
QY 121 GTATGCTCTGAGCTTGGCCGTAATGCGCGCTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 180
DB 121 GTATGCTCTGAGCTTGGCCGTAATGCGCGCTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 180
QY 181 CTCAGTGGCACTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTGGTGAACAA 240
DB 181 CTCAGTGGCACTGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTGGTGAACAA 240
QY 241 AACGAGCAACAGCTGACGCTACGCTCCCAAGCGGAGCTGATCGAGCTTGTCTTGGT 300
DB 229 - - -ACCAAGCAACAAATGACAAATGCTCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 285
QY 301 GAAATGCTAAGCAGCAGCGGCTCAAGCCATCGCCATCGGTAAGTAATAA---TAAACT 357
DB 286 AGTCTGCTAAGCAGCAGCGGCTCAAGCCATCGCCATCGGTAAGTAATAA---TAAACT 357
QY 358 GTCAATGGAACAGCTTGGATAGATAGTAACGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCC 417
DB 346 CGTATCAACGCGCTAATCAGAAAGCGAGTCCCGCAAGGTAAGAGTCCATCGCC 405
QY 418 ATCGGTGCTGATTAAGGCTAGTGGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 477
DB 406 ATCGGTGCTGATTAAGGCTAGTGGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 465
QY 478 CATTTGCTTGAATCAGCATGTAATCTTAACATCGCAAGGTAAGTACTGATTAACGATCT 537
DB 466 TATTTGATAGGAATAGCACTAATCTTAATATTCCTTAATGCTTTC---TTAGCACTCTT 522
QY 538 ATTAAAGGCTGATGATTTAAAGAAATACGAAGCTCAAGAGATATGATGTAATAATAT 597
DB 523 ATTAAAGGCTGATGATTTAAAGAAATACGAAGCTCAAGAGATATGATGTAATAATAT 597
QY 598 AGAGCAACACCGCAAGGCGGACGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 657
DB 580 AGAGCAACACCGCAAGGCGGACGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 639
QY 658 GGTCAATTTTCCAAAGCCTTGTGTACAGGCGCAACAGCTAAAGTGCCTATTTCTTGSCA 717
DB 640 GGTCAATTTTCCAAAGCCTTGTGTACAGGCGCAACAGCTAAAGTGCCTATTTCTTGSCA 699
QY 718 GTGGGTCTTGGCGGCACAGCGGAGGCCAATCTCAATGCTGATTTGTTGCTGATGCAACA 777
DB 700 GTAGGTCTTGGCGGCACAGCGGAGGCCAATCTCAATGCTGATTTGTTGCTGATGCAACA 759
QY 778 TCTAGCTGTTGGAGGATAGCCCTTGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 837
DB 760 GCTATCAATTTATGAGCACTAGCCCTTGTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 819
QY 838 ATTGCCCTAGTCAAGGTTCTGTTGCTCACTCAGATGATATTAATTTAGACCGGCTAT 897
DB 820 ATTGCCCTAGTCAAGGTTCTGTTGCTCACTCAGATGATATTAATTAATAATAATAATAATA 876

QY 898 ACACCAAAATACCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATACGAAGCGGCT 957
DB 877 GCCTATGTAACCAAGAGTATGCTGCTCAACATTAATCTTCAAGCCACCGCAATGCT 936
QY 958 CCAGTTTCCATTTGGTAAGTACTCTATCAACAGTAAATATCAATGCTGCTGCTGCTGCT 1017
DB 937 TTAATTTCCATTTGGTAAGTACTCTATCAACAGTAAATATCAATGCTGCTGCTGCTGCT 996
QY 1018 AATTAACCGATGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1077
DB 997 GAGGATACCGATGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1053
QY 1078 CTTAATTAATTTTCAAGGCTGATGATTAACATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1137
DB 1054 CTTAATTAATTTTCAAGGCTGATGATTAACATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1113
QY 1138 ACTTTAATTAATTAAGTGTG---CAGAGCAACAGCTTAACCGATTAATTAATTCGCT 1194
DB 1114 ACTTTAATTAATTAAGTGTG---CAGAGCAACAGCTTAACCGATTAATTAATTCGCT 1173
QY 1195 GTGGTAAAGAGCTGATTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1254
DB 1174 GTGGTAAAGAGCTGATTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1233
QY 1255 CTTACTGAGTGAATATACATCTAATTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1314
DB 1234 CTTGAACAGTATGAGCAACCAAACTTAACCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1290
QY 1315 AGTACTACTACAGCTGATTAATTAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1374
DB 1291 GGTAAATACAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1344
QY 1375 AGTCAACACCAAGCAAAACGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1434
DB 1345 AATGCAACACCAAGCAAAACGCTGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1404
QY 1435 GAAACACAGGACGCAATGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1494
DB 1405 AATACGCGCACTTGA---GATACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1461
QY 1495 GATGCTGATTTGATGAAAAAAGCAACCATTTTGGATTAATAAACAATTAAGTGGCT 1554
DB 1462 AAGCTGCTGATGATGAAAAAAGCAACCATTTTGGATTAATAAACAATTAAGTGGCT 1520
QY 1555 AGTGTGCAATTAACATGACATGCAATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1614
DB 1521 ----- 1520
QY 1615 GCCAAAGGTAGCTGCTAAGATGCGGTTACATCGAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCCT 1674
DB 1521 - - -CAACAGCACCTTAACACAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1578
QY 1675 ACTTTAAACGAGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1734
DB 1579 AAACAAATCCAAAGTGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1638
QY 1735 AGTGCAATGTTAGCGCCCACTTAACAATTTGGCGGAAACACCGAGCTTAACAGT 1794
DB 1639 AATGCCCAAAATTTGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 1658
QY 1795 GATGCGCACTAGTAAATTAATTAAGTGAAGGTAAGGTAAGGTAAGGTAAGGTAAGGTAAG 1854
DB 1699 GATGCTAAAGTTGATTA----- 1715
QY 1855 GCCGAACATTTGGCAAGCTATTAATGAAGTCAATGAAGCGCTGACAGTCTCTACAA 1914
DB 1716 -----AAAGTCAATTAATTTGATTAATAAACAATCTCAAGTGGGTGCTT 1761
QY 1915 AGCTTAACGCTTAAGAAAGAGAGATGATGACCCCAAGCTATACCGGTGCTGCTGCTGCT 1974
DB 1762 AAATTTACCAAGACAGTGGATTAATGCAAGTATTAATAAAGATCAATTAATTAAGAT 1821
QY 1975 ACGACAAAAAATGCGCGGCGAGTCAAGATCTTAACACTCAAAAGGTAAAAAGGTCTAAGC 2034

Db	1822	GCAACGACGATACCAGTGCAGTCACTTATTAACAGCTTAAACAAAGTCCACAGAGCCG	1861
Qy	2035	GTTCGTACCAAAAAGATGAGTACGGTTACCTTTGGGCTTAGCCAGATAGCGGTGCAC	2094
Db	1882	GAGCGTGCCCTACAA-----AGGTTCTCATTTGATGATGAAAAAGTGCAGGA	1929
Qy	2095	ATTGGCAAAAGCACCCCTTAACCAACGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAGCAACAATC	2154
Db	1930	TTTTCAGATTAGTAACCTGTATTCTCAATTTGTAATACCCCAAAATACCTTTGAGACCATCACC	1989
Qy	2155	CAAGTCGCTGCTAATGAGCTTAATAATTAGTAATGTCAATGGTAAGTAATCCAGGTCTAGCG	2214
Db	1990	TTTGACAGTGA AAAAGCCATCAGTATCAGCATGACATATGCCAAAAGTTAAAGTCAAG--	2047
Qy	2215	ATTGCAAAATACCGCTGCATTACAGAGATAAAAATTGGCTTGCTGTTCTGATGTGCA	2274
Db	2048	-TTGGTATTGACCCCAATCAATGGTGTACACAGCCCTAAGCTGACCGTGGATAGCATATA	2106
Qy	2275	GTTGATACAAACAACTTATCTTGATCAAGACAGCTCAAGTTGGCATGTTAAGATT	2334
Db	2107	GATGGTAAAACTCAATTGTTTGAAGAA-----	2137
Qy	2335	ACCAACACTGGCATTAACGAGAGTGGTAAAGCATCACAGGCTGTCCCAACACTGCT	2394
Db	2138	-----TGCTACCGTTAAGCAGACCCAAAACATCAATTAGAGATTGCCCCAACACTGCT	2193
Qy	2395	AGCATTCGCGATCAAAAGTAC---CGCAACATAGAACTGGGCAATACCAACA---GAC	2448
Db	2194	AGCATTAACATGAGAGTGGCGTACCGACACAGAAACAGGCAATATCAATCACAGCGAC	2253
Qy	2449	AAAGACAATTCAAACGCTGCCAGCATTAATGATATTTAAATACAGGCTTTAACCTAAA	2508
Db	2254	GAAACAAATTCAAAGCCGCACTATCGGATATTTAAATACAGGCTTTAACTAAA	2313
Qy	2509	AATATATACAAACCATTTGACTTGTCTCAGCTATGATGTGATGTGACTTGGCCAAATGC	2568
Db	2314	AATATATGCAACTCCGTTGGCTTTGTCTCAGCTTATACACATGTTGACTTATGATATGC	2373
Qy	2569	AATGCCACACCGCACAGTACACCCATGATACCGCTTAACCAAAACAGTAAAGTGTATAT	2628
Db	2374	AATGCCACACCGGTAGATTAAGTATAGATGAAACCAATCAACACAGTAAAGTAACTTAT	2433
Qy	2629	GATGTGAATGTGATGTATACACCATTTCACTTACAGGCACTGATGACAA--TAAAAA	2685
Db	2434	GATGTCAATGTGATGAGAAACCATTTGAACCTCAGAGCGATATGCGAAGCAAAACAA	2493
Qy	2686	CTTGGCGTCAAAAACACCAACTGAAACAAACAGTGTCTAATGTATATACAGCACTAAC	2745
Db	2494	ATTGGCGTCAAAAACACACACAGTACACAAACAAATGCTAAAGTTAAAGCAAC-----	2546
Qy	2746	TTTATGTAACTACTAGTGAAGATGGCCCTGTTAAAGCCAAAGACATGGCCGAATAT	2805
Db	2547	--CAACTTTAGTACACCGATTAACGATGCCCTTGTTAAAGCCAAAGACATGGCCGAATAT	2604
Qy	2806	CTAAACACCCCTAGCACAAGAAATTCACACACCAAAAGCAGACAGACACCGCCCTACAA	2865
Db	2605	CTAAACACCCCTAGCACAAGAAATTCACACACCAAAAGCAGACAGACACCGCCCTACAA	2664
Qy	2866	ACCTTACCGTTAAAAAGGTAGTGAATAATATATGCTGATGACGCCAACGCCATCAC	2925
Db	2665	ACCTTAAAGTCAAAAAGCAGGTGCA-----ACTGATGAGAAACACATCACCGTGGGT	2718
Qy	2926	GTTGGCTCAAAAAGCAGAAATTAATCAAGTCAACACCCCTAACCTCAAAAGTGA AAAAGGT	2985
Db	2719	AAAGATGTATACAAAAGCAGAACCGTGTACACTCTTAAACTCAAAAGTGA AAAAGGT	2778
Qy	2986	CTTATATATTA AAAACCGCAAAAATGTAGCGTTACTCTTGCGATTAACACCAAGCGGT	3045
Db	2779	CTAACGGTGTCTACCAATATAAGATGATACGTTACTCTTGCGATTAACACCAAGCGGT	2838
Qy	3046	CTTAAAGCCGCAAAAGCACCC---CTAAACGACGATGGCTGTCTATTAAAAACCCCACT	3102

Db	2839	CTTAAAGCCGGCGACACACCACCTCTTAACCAAGAATGCGTTGTCTATTAAAAACCCCGCT	2838	
QY	3103	GGTAGCGCAAAATCCAAAGTCGGTGGCTGATGCGGTGAATTTGCCAAGGTTAATAAT	3162	
Db	2899	AGTAAACGAACAAATCCAAAGTCGGGCGTGAATGGCTGAAGTTTGCCAAAGT---	TCATAG	2955
QY	3153	GGTGTGTGAGTGCTGGCATTTGATGGCACACACTCGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTT	3222	
Db	2956	GGTAATTTCMAACACTGGCATTTGATGGCGACAAAGCCGTATCACCAAGAATCAAAATTTGGCTTT	3015	
QY	3223	ACTGGACATATGGCTCACTTGTATTAAGCAAAACCCACCTTAAGCAAAAGAC-----	3273	
Db	3016	ACTGGGCTAATGGCTCACTTGTATACCACCAAAACCCACCTTAACCAAAAGACGTTAA	3075	
QY	3274	-----GGCATTTAACGACAGGTGTAAAAAAGTATTCCAAC	3306	
Db	3076	GTGGGTGAAGTTGAATTTACCAACACCTGGCATTTAACGACGGTGTAAAAAAGATTTCACAA	3135	
QY	3307	ATTCAATCAGGTGAGATTGCCCAAAACAGCCATGATGCTGTACACAGCGGCACAGTTTAT	3366	
Db	3136	ATTCAATCAGGTGATATTATACCACAAACAGCAATGATGCTGTACAGCGGTGCGGTTTAT	3195	
QY	3367	GATTTAAAAACCGAATCTGAAAAACAAATCAGCAGTACGCGCAAAAACAGCACAAATCA	3426	
Db	3136	GATTTAAAAACCGAATCTGAAAAACAAATCAGCAGTACGCTGTAAACACACAAACTCA	3255	
QY	3427	TTACACGAATTCCTCAGTACGAGATGAACAAGTAAATACGTTACGGTTAGTAACCTTAC	3486	
Db	3256	TTACACGAATTCCTCAGTACGAGATGAACAAGTAAATACGTTAGTTAGTAACCTTAC	3315	
QY	3487	TTCAAGTTATGACACCTCAAAAGACCTGTGATGTCATCACTTTGACAGGTGAAAAACGGCAT	3546	
Db	3316	TTCAAGTTATGACACCTCAAAAGACCTGTGATGTCATCACTTTGACAGGTGAAAAACGGCAT	3375	
QY	3547	ACCACCAAGGTAAATTAAGGTGTGGCCGTGGGATTTGACCAAAACCAAAACGGTTAAC	3606	
Db	3376	ACCACCAAGGTAAATTAAGGTGTGGCCGTGGGATTTGACCAAAACCAAAACGGTTAAC	3435	
QY	3607	ACGCTTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATAAAGCAAAAGGCAATTTGTATGACAGCCAAAT	3666	
Db	3436	ACGCTTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATAAAGCAAAAGGCAATTTGTATGACAGTTAAGAT	3495	
QY	3667	GSTCAAAATACCATCACAAGCACTTAAGCACACACTGTAGTTAATGTTACCAATGATTAAGT	3736	
Db	3496	GSTCAAAATACCATCACAAGCACTTAAGCAACACTGTAGTTAATGTTACCAATGA-----T	3549	
QY	3727	AGCGTAGCCACACAGAACAAGGCGAATATATTAAGAGCAAGAACAAAACCCGTCCGC	3786	
Db	3550	GGTGCAGGACACGCACTTAACCAAGGCGTTGCCAATGACACCGCAAAAACCCGTCCGC	3609	
QY	3787	AGCATTTGTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTAATCTCAAGGCAATGTGTAAACGGTTAGC	3846	
Db	3610	AGCATTTGTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAATCTCAAGGCAATGTGTAAACGGTTAGC	3669	
QY	3847	TTTTGTTCCACTTTATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGACATGCAACCAACCGTTAAGTG	3906	
Db	3670	TTTTGTTCCACTTTATGACACCGTGTGAATTTATGATGGAATGGCACCAACCGCTTAAGTG	3729	
QY	3907	ACCTATGATGACACAGCAAAACCAAGTAAAGTGTATGATGTCAATGTGATGATCA	3966	
Db	3730	ACCTATGATGACACAAACCAAAACCAAGTAAAGTGTATGATGTCAATGTGATTAATTA	3789	
QY	3967	ACCATTTGAAGTTAA---GATTAATAAACTTTGGGTAAAAACCAACCATGTAACCGATCT	4023	
Db	3790	ACCATTTGAAGTAAAGTAAATTAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGTACTAGCGGATGCGTTTCAG	4083	
QY	4024	GGCAGAGTGTCTAATTAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGTACTAGCGGATGCGTTTCAG	4143	
Db	3850	AGTGTATATGATTAATGA---ACCAAAATTTAGTGGCCCGGATGGGATGCCCTTTTAA	3906	
QY	4084	GCCAGTATATCGTTGCTCATTTAAACACCTTATCTGGCGACATCCAAATGTCCAAGGG	4143	
Db	3907	GCCAGTATATCGCCACCACTTAATTAATCTTGGCTGGGATGCGAATCCAAACCGCAAGGG	3966	

OY	4144	GGAGCCAAACGAAACAACCTACAGAGCGCTATGTGATCTGTATGGCAATAAAGTCATCTAT	4203
OY	4144	GGAGCCAAACGAAACAACCTACAGAGCGCTATGTGATCTGTATGGCAATAAAGTCATCTAT	4203
Db	3967	GCAAGGCCAAACGAGCGCTACGCAAGCTATGTGGATGCTGATGGCAACAGGTATCTAT	4026
OY	4204	GACAGTACCCGATTAACAAGTACTATCAAGCCCAAAAATGATGCGACAGTGTGATTAACCAAA	4263
Db	4027	GACAGTACCGATTAAGAAGTACTATCAAGTCAATACAAAGGTCAAGTGTGACAAACCAAA	4066
OY	4264	GAAGTTGGCCAAAGACAACCTGTGTGCCCAAGGCCAAACCCAGATGGCACATTTGGCTCAA	4333
Db	4087	GAAGTTGGCCAAAGACAACCTGTGTGCCCAAGGCCAAACCCAGATGGCACATTTGGCTCAA	4146
OY	4324	ATGAATGTCAAAATCAGTGCATTAACAAAGAACATTAATGATGGCATTTAAACCAAGGC	4383
Db	4147	ATGAATGTCAAAATCAGTGCATTAACAAAGAACATTAATGATGGCATTTAAACCAAGGC	4206
OY	4384	ATCAATGAAGACAACAGCGCTTTGTTAAAGACTTGTAAAGAGCGCGCTTGTGATTAACAAAC	4443
Db	4207	ATCAATGAAGACAACAGCGCTTTATCAAAAGCGCTTGTAAAGAGCGCGCTTGTGATTAACAAAC	4266
OY	4444	AAAAAGCGCGCATTAACCTGTGTGGTGAATTAATATGCGCTTGGCCAAACACGCTGACCTTT	4503
Db	4267	AAAAAGCGCGCATTAACCTGTGTGGTGAATTAATATGCGCTTGGCCAAACACGCTGACCTTT	4326
OY	4504	GCAGGGGATACAGAGCAACAGCGCTTAAAGAAAGTGGCGACACTTGACATCAAGAGTGGG	4563
Db	4327	GCAGGGGATACAGAGCAACAGCGCTTAAAGAAAGTGGCGACACTTGACATCAAGAGTGGG	4386
OY	4564	CAAACAGACACCAATTAAGCTTAACCGATTAATACATCGGTGTGGTAGCAGGTACTGATGGC	4623
Db	4387	CAAACAGACACCAATTAAGCTTAACCGATTAATACATCGGTGTGGTAGCAGGTACTGATGGC	4446
OY	4624	TTTCACGTCAAACTTGGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGCAGTGGCAC	4663
Db	4447	TTTCACGTCAAACTTGGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGCGTTAATGCAGTGGCAC	4506
OY	4684	AAAAATGATGACAAAGGCGGTGTTTGTATGACTCAAGCGGTCAAGGCCAAAGCAACAC	4743
Db	4507	AGAAATGATGAAAGAAAGGCAATCTCTTTGTATGACGCAAAAGGTCAAGGCCAAAGCAACAC	4566
OY	4744	CCTGTGCTTAAGTGCCAATGGGCTGTGACCTGGGTGGC-----	4779
Db	4567	CCTGTGCTTAAGTGCCAATGGGCTGTGACCTGGGTGGC-----	4626
OY	4780	-----	4779
Db	4627	GCTGTGATGATACGATGCGGTGAACCTTTAAGCAGTTTAATGAAGTTGCCAAAACGGTC	4686
OY	4780	-----	4779
Db	4687	AACAACTTAACAAACCAAGTAAGTACTCAGGCGGTCAATACCCTTTGTGTAAACGATGCC	4746
OY	4780	-----	4779
Db	4747	AATGGCAAGCCCATCAATGGCACCGATGGCAAGCCCCAAAAGCATCAAGGGCGCGAT	4806
OY	4780	-----	4779
Db	4807	GGTAATACTATACGCCCAAGCCCAAGCGGTACCTGTGGACAAGATGGCAAGCCCATC	4866
OY	4780	-----	4779
Db	4867	ACCGATGGCGACAACCTTGGCAATCTGGACGTCATGGCAAAACCCCTTGTATGGACGTCAT	4926
OY	4780	-----	4779
Db	4927	CAAGTGTGGCAAGCCTAGGCGGCAACTGAGATGCCATCACCTTAACAACATCAAGTCC	4986
OY	4780	-----	4779
Db	4987	ACTTTGCCCAAAATTGACACACCAACCAAGGTAATGCCAATGCAAGGGCAAGCCCAAGT	5046

QY	4780	-----	1	4779
Db	5047	CTGCCAGCCTATCAGCAGACAGCAAGTAATGCTGCCAGTGTCAAAGATGTGCTAAT	5106	
QY	4780	-----		4779
Db	5107	GTAAGCCTTAACCTTGCGAGACCAATCACAATCAAGTGACTTTGTCAAAAGCTATGATACC	5166	
QY	4780	-----		4779
Db	5167	GTCACCTTTGTCAATGATGTACAGSTGCCGAGATCACAAAGGTGCGTATGTCGTATGGCAGC	5226	
QY	4780	-----		4779
Db	5227	ATGAGTAACATCACCGTCAACACCGCCTTAGCAGCGACCGATGATGATGGCAATGTGCTT	5286	
QY	4780	-----		4779
Db	5287	ATCAAAAGCCAAAGATGTAAATTCTAACAAGACAGACGACCTCATGCCAAACGGCTCATA	5346	
QY	4780	-----		4779
Db	5347	AAAGCAGCAATCAGCCAGTATGCGCAAACTCCAACTAGTGTCTAAGCTTGTAAACCC	5406	
QY	4780	-----		4779
Db	5407	AATGCTGTAAAGCAGTACAGGCGATGCGATGGCTTTAATAACTTATCAAAAGCGGTA	5466	
QY	4780	-----		4779
Db	5467	TTTAAATCCAAAGATGTACAACTACTACACAGTAAGCTGTATGGCATCAGTATCCAA	5526	
QY	4780	-----	---AAGTTC-----	4785
Db	5527	GGCAAAAGATAACAGCAGCATCAACCTAAGCAAAAGATGGGCTCAATGTAGGCGGTAAAGTC	5586	
QY	4786	ATCAGTATGTGGGCAAGGACACAAAGATACCGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAAC	4845	
Db	5587	ATCAGCAATGTGGGTAAAGGACAAAGACACCGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAAC	5646	
QY	4846	GAAAGTACCGCAATGTGTGGCTCTGGTAAATGCTGTAATGATAAGCGTAGCGGCANTAG	4905	
Db	5647	GAAAGTACCGCAATGTGTGGCTCTGGTAAATGCTGTAATGATAAGCGTAGCGGCANTAG	5706	
QY	4906	GTAACATTTGCCGATCAAAAAGAACCCCAATTCAGTTCTATCACTTAACCGCACTGTC	4965	
Db	5707	GTAACATTTGCCGATCAAAAAGAACCCCAATTCAGTTCTATCACTTAACCGCACTGTC	5766	
QY	4966	ATCAAAAGCAGCAGCGTACTTGGCGGTAAAGTAAATACGATACCGAAAACTTCCACT	5025	
Db	5767	ATCAAAAGCAGCAGCGTACTTGGCGGTAAAGTAAATACGATACCGAAAACTTCCACT	5826	
QY	5026	GSTGTATCAAGTGTGGCGTGTGATAAAGACGGCAACGGTAACGGGATTTAAGCAATGTT	5085	
Db	5827	GSTGTGTATCAAGTGTGGCGTGTGATAAAGACGGCAACGGTAACGGGATTTAAGCAATGTT	5886	
QY	5086	TGGGTCATAAAACCAAAAAGATGGACAAAAGAGCCCTGTCCCACTTATTAACGCCGA	5145	
Db	5887	TGGGTCATAAAACCAAAAAGATGGACAAAAGAGCCCTGTCCCACTTATTAACGCCGA	5946	
QY	5146	GGTCAAGCACTATTGTGACCAACAACCCCGCAGAAAGCCATTGACAGATTAATAAGACAA	5205	
Db	5947	GGTCAAGCACTATTGTGACCAACAACCCCGCAGAAAGCCATTGACAGATTAATAAGACAA	6006	
QY	5206	GGTATTCGGTCTTCATATGTCAAGATGGCAATCAAAAGCCGTGTGTCMAAGGGGTAAAC	5265	
Db	6007	GGTATTCGGTCTTCATATGTCAAGATGGCAATCAAAAGCCGTGTGTCMAAGGGGTAAAC	6066	
QY	5266	GGCATTGATCAAGTGCCTCAAGGCAAGCAACTCAGTGGGATAGTGTTCAGGCCCAAGCA	5325	
Db	6067	GGCATTGATCAAGTGCCTCAAGGCAAGCAACTCAGTGGGATAGTGTTCAGGCCCAAGCA	6126	
QY	5326	GATGTGTGAAGCCGCGTTTGCCATAGGCAAGCAAAACCAAGCAGGCACCAATTCATCGCC	5385	

```

|||||
Db 6127 GATGTGTAACCCCGCTTGCATAGCGACAAACCCAGCAGCAACCATCATCGCC 6186
QY 5386 ATGGGTATACAGCAACAGCCAGCGGATCATTCATCCCATCGGTACAGGAATGTG 5445
Db 6187 ATGGGTATACAGCAACAGCCAGCGGATCATTCATCCCATCGGTACAGGAATGTG 6246
QY 5446 GTAGCAGGTAAAGCACTCTGTGCATCGGACCAAGCACTGTAAAGGTGATACAGT 5505
Db 6247 GTAAACAGTAAAGCACTCTGTGCATCGGACCAAGCACTGTAAAGGTGATACAGT 6306
QY 5506 TACAGTGTGGTAAATAACAACAGTTTACCGATGCCATCAAAACCGATGCTTTGGTGTG 5565
Db 6307 TACAGTGTGGTAAATAACAACAGTTTACCGATGCCATCAAAACCGATGCTTTGGTGTG 6366
QY 5566 GGCAATTAACATCAACCGGTACCGGAAAGTAACCTGGTTCCTTAGTAACTCTGCATC 5625
Db 6367 GGCAATTAACATCAACCGGTACCGGAAAGTAACCTGGTTCCTTAGTAACTCTGCATC 6426
QY 5626 AGTGCAGGCACACAGCAGGACACAAAGCAAAATCTAGCGGACAGAGGTACAAAC 5685
Db 6427 AGTGCAGGCACACAGCAGGACACAAAGCAAAATCTAGCGGACAGAGGTACAAAC 6486
QY 5686 ACCACAGCAGGTCAACCGGTACCGTAAAGCTTTGCTGGACAAACGGGCTTGTGTGCG 5745
Db 6487 ACCACAGCAGGTCAACCGGTACCGTAAAGCTTTGCTGGACAAACGGGCTTGTGTGCG 6546
QY 5746 GTCTCCGTGGGTGCTCAGTGTCTGAACCGCTTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGTTC 5805
Db 6547 GTCTCCGTGGGTGCTCAGTGTCTGAACCGCTTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGTTC 6606
QY 5806 AGTGCACACAGCAGCAGGTGGTCAATGTAGCAGTGTGACAAAGCCAGCCAAAGCATT 5865
Db 6607 AGTGCACACAGCAGCAGGTGGTCAATGTAGCAGTGTGACAAAGCCAGCCAAAGCATT 6666
QY 5866 GCCAACGCAACAATGAGCTTGAACCATCTATCCACCAAAACGAAATTAAGCCCAATGCA 5925
Db 6667 GCCAACGCAACAATGAGCTTGAACCATCTATCCACCAAAACGAAATTAAGCCCAATGCA 6726
QY 5926 GGATTTTCATCAGCAGTGGGATGGGCTGCATGCGCACAAACCTTACTCTGGCAATTC 5985
Db 6727 GGATTTTCATCAGCAGTGGGATGGGCTGCATGCGCACAAACCTTACTCTGGCAATTC 6786
QY 5986 ATGGTTACCGGGGATTTGGCCACCACAAAGGTCAAGGTGCGGTGAGTGGGACTGTG 6045
Db 6787 ATGGTTACCGGGGATTTGGCCACCACAAAGGTCAAGGTGCGGTGAGTGGGACTGTG 6846
QY 6046 AAGCTGTGATTAATGCTCAATGGGTAATTAATCAATGATGTTTCAAGCGATACCCAAAGC 6105
Db 6847 AAGCTGTGATTAATGCTCAATGGGTAATTAATCAATGATGTTTCAAGCGATACCCAAAGC 6906
QY 6106 CATGTAGGGGCGGAGTGTGTCAGAGTTTCACTTT 6141
Db 6907 CATGTAGGGGCGGAGTGTGTCAGAGTTTCACTTT 6942

RESULT 14
LOCUS AX079959 2448 bp DNA linear PAT 22-FEB-2001
DEFINITION Sequence 47 from Patent WO0107619.
ACCESSION AX079959
VERSION AX079959.1 GI:13159466
KEYWORDS
SOURCE
ORGANISM Moraxella catarhalis.
Moraxella catarhalis
Bacteria; Proteobacteria; gamma subdivision; Moraxellaceae;
Moraxella.
1 (bases 1 to 2448)
Loosmore,S.M., Sasaki,K., Yang,Y.P. and Klein,M.H.
Recombinant high molecular weight major outer membrane protein of
Moraxella
Patent: WO 0107619-A 47 01-FEB-2001;
JOURNAL CONNAUGHT LABORATORIES LIMITED (CA)

```

```

FEATURES
    source
    location/Qualifiers
        1..2448
        /organism="Moraxella catarhalis"
        /db_xref="taxon:480"
BASE COUNT 826 a 369 c 556 g 497 t
ORIGIN
Query Match 39.9%; Score 2448; DB 6; Length 2448;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 2448; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 3010 GGTACGGTTACCTTTGGCATTAAACCAAGCGGTCTTAAAGCGGCAAAAGCACCTTA 3069
Db 1 GGTACGGTTACCTTTGGCATTAAACCAAGCGGTCTTAAAGCGGCAAAAGCACCTTA 60
QY 3070 AACGACGCTGGCTTGTCTATTAAACCCACCTGTGTGCGACAAATTCAGTGGTCT 3129
Db 61 AACGACGCTGGCTTGTCTATTAAACCCACCTGTGTGCGACAAATTCAGTGGTCT 120
QY 3130 GATGGCGTGAAGTTTGGCAAGGTTAATTAATAGTGTGTAGGTGCTGCATTGATGGC 3189
Db 121 GATGGCGTGAAGTTTGGCAAGGTTAATTAATAGTGTGTAGGTGCTGCATTGATGGC 180
QY 3190 ACAACTGCAATTACAGAGATGAATTTGCTTACTGGGACTAATGCTCACTTGATAAA 3249
Db 181 ACAACTGCAATTACAGAGATGAATTTGCTTACTGGGACTAATGCTCACTTGATAAA 240
QY 3350 AGCAAAACCCACCTTAAGCAAAAGCGCATTAACGACAGGTGTAAAGATTACCAACAT 3309
Db 241 AGCAAAACCCACCTTAAGCAAAAGCGCATTAACGACAGGTGTAAAGATTACCAACAT 300
QY 3310 CAATCAGGTGATTTGGCCAAACAGCATGATCTGTGACAGGCGCAAGATTATGAT 3369
Db 301 CAATCAGGTGATTTGGCCAAACAGCATGATCTGTGACAGGCGCAAGATTATGAT 360
QY 3370 TTTAAACCCGAATTTGAAACCAAAATCAGAGTACTGCCAAACAGCACAACACTCATTA 3429
Db 361 TTTAAACCCGAATTTGAAACCAAAATCAGAGTACTGCCAAACAGCACAACACTCATTA 420
QY 3430 CAGCAATTTCTCAGTACAGATGAACAAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3489
Db 421 CAGCAATTTCTCAGTACAGATGAACAAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 480
QY 3490 AGTTATACACCTTAAGGACCTCTGATGTATCACTTTTCAGGTGTAAGGACGATTAAC 3549
Db 481 AGTTATACACCTTAAGGACCTCTGATGTATCACTTTTCAGGTGTAAGGACGATTAAC 540
QY 3550 ACCAAGGTAAATTAAGGTGTGTGCGCTGTGGCATTTGACCAAAACCAAGGCTTAACACG 3609
Db 541 ACCAAGGTAAATTAAGGTGTGTGCGCTGTGGCATTTGACCAAAACCAAGGCTTAACACG 600
QY 3610 CTTAAGCTGACCGGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 3669
Db 601 CTTAAGCTGACCGGTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 660
QY 3670 CAATATACATCAACAGGACTAAGCAACAGCTCTAGTATGTTTACCATGATTAAGGTAGC 3729
Db 661 CAATATACATCAACAGGACTAAGCAACAGCTCTAGTATGTTTACCATGATTAAGGTAGC 720
QY 3730 GTACGACACAGAAAGAGGCAATATTAATCAAAAGACAGACAAACCCGTGCGCCAGC 3789
Db 721 GTACGACACAGAAAGAGGCAATATTAATCAAAAGACAGACAAACCCGTGCGCCAGC 780
QY 3790 ATTGTATGTGCTTAAGCGAGCTTTAATCTGCAAGGCAATGTGTAAGCGGTGACTTT 3849
Db 781 ATTGTATGTGCTTAAGCGAGCTTTAATCTGCAAGGCAATGTGTAAGCGGTGACTTT 840
QY 3850 GTCTCCACTTATGACACCGCTCACTTGGCGATGCAATGCCACACCGCTTAAGGTACC 3909
Db 841 GTCTCCACTTATGACACCGCTCACTTGGCGATGCAATGCCACACCGCTTAAGGTACC 900
QY 3910 TATGATGACACAAAGCAACAGTAAAGTGTCTATGATGCAATGTGATGATACAC 3969

```

Db	901	TATGATGACAAAGCAAAACCGATAAGTGGTCTATATGATGTCAATGTGATGTATACACC	960
Qy	3970	ATTGAAGTTAAAGATPAAAAAATTGGCGCTAAAAACCAACCATTTGACACGTAAGTGGCACA	4029
Db	961	ATTGAAGTTAAAGATPAAAAAATTGGCGCTAAAAACCAACCATTTGACACGTAAGTGGCACA	1020
Qy	4030	GGTGGCTAAATTAATTTGGCCCTAAGCAATCAAGCTCTGTGGCATATCGCTGTGCAAGGCAGT	4085
Db	1021	GGTGGCTAAATTAATTTGGCCCTAAGCAATCAAGCTCTGTGGCATATCGCTGTGCAAGGCAGT	1080
Qy	4090	GATATCGTTGCTCATCTAACAACCTTATCTGGCGACATCCCAATCCCAAGGGCGAAGC	4149
Db	1081	GATATCGTTGCTCATCTAACAACCTTATCTGGCGACATCCCAATCCCAAGGGCGAAGC	1140
Qy	4150	CAAGGCAACATCTAGCAGGCTATGTGGATGTGATGGCAATTAAGGTCAATCTATGACAGT	4209
Db	1141	CAAGGCAACATCTAGCAGGCTATGTGGATGTGATGGCAATTAAGGTCAATCTATGACAGT	1200
Qy	4210	ACCGATTAACAGTACTATCAAGCCAAAAATGATGGCACAGTGTGATTAACCAAGAACCTT	4266
Db	1201	ACCGATTAACAGTACTATCAAGCCAAAAATGATGGCACAGTGTGATTAACCAAGAACCTT	1266
Qy	4270	GCCAAAGCAAACTGGTGGCCAGCCCAACCCAGATGGCACATTTGGCTCAATGAT	4329
Db	1261	GCCAAAGCAAACTGGTGGCCAGCCCAACCCAGATGGCACATTTGGCTCAATGAT	1320
Qy	4330	GTCGAATCAGTCATTTAACAAAGAACAGTAATGATGCCAATAAAAAGCAAGCATCAAT	4389
Db	1321	GTCGAATCAGTCATTTAACAAAGAACAGTAATGATGCCAATAAAAAGCAAGCATCAAT	1380
Qy	4390	GAAGCAACGGCTTTGTTAAAGCACTTGAAAAACCCGGCTTCTGATACAAACCAAAAC	4449
Db	1381	GAAGCAACGGCTTTGTTAAAGCACTTGAAAAACCCGGCTTCTGATACAAACCAAAAC	1440
Qy	4450	GCCGCACTACTGTGGGATTTAAATGCGCTTGCCCAAAACCCGCTGACCTTTGCAAGG	4509
Db	1441	GCCGCACTACTGTGGGATTTAAATGCGCTTGCCCAAAACCCGCTGACCTTTGCAAGG	1500
Qy	4510	GATTACGCCACAACGGCTAAAAAACTGGCGAGACCTTTGACATCAAAAGTGGGCAACA	4569
Db	1501	GATTACGCCACAACGGCTAAAAAACTGGCGAGACCTTTGACATCAAAAGTGGGCAACA	1560
Qy	4570	GACACCAATTAAGCTAACCGATTAATTAACATCGGTGGTGAAGATGATGATGGCTCACT	4629
Db	1561	GACACCAATTAAGCTAACCGATTAATTAACATCGGTGGTGAAGATGATGATGGCTCACT	1620
Qy	4630	GTCGAATCTGCCAAAGACTTAACCAATCTTTAACAGCGTTAATGACAGTGGCAACAAATT	4689
Db	1621	GTCGAATCTGCCAAAGACTTAACCAATCTTTAACAGCGTTAATGACAGTGGCAACAAATT	1680
Qy	4690	GATGCAAAAGCGTGTCTTTGTAGACTCAAGGGGTCAAGCCAAAGCAACACCCCTGTG	4749
Db	1681	GATGCAAAAGCGTGTCTTTGTAGACTCAAGGGGTCAAGCCAAAGCAACACCCCTGTG	1740
Qy	4750	CTAAGTGGCAATGGGCTGACCTGGGTGGCAAGGTATCATGTAATGTGGCAAAAGGACA	4809
Db	1741	CTAAGTGGCAATGGGCTGACCTGGGTGGCAAGGTATCATGTAATGTGGCAAAAGGACA	1800
Qy	4810	AAAGATACCGACGCTGGCATTGACAAACGTTAAACGAAGTAACGCACTTGTGGTCTT	4869
Db	1801	AAAGATACCGACGCTGGCATTGACAAACGTTAAACGAAGTAACGCACTTGTGGTCTT	1860
Qy	4870	GGTAAATCTGTATGATGATAACGCTGAAGGCAATCAAGTAACATTTGGCGAATCAAAAA	4929
Db	1861	GGTAAATCTGTATGATGATAACGCTGAAGGCAATCAAGTAACATTTGGCGAATCAAAAA	1920
Qy	4930	GACCAAAATTCAGGTTTCATCTTAACGCGCACTGTTCATCAAAAGCAAGCACGTAAGTGGC	4989
Db	1921	GACCAAAATTCAGGTTTCATCTTAACGCGCACTGTTCATCAAAAGCAAGCACGTAAGTGGC	1980
Qy	4990	GGTAAAGCTAATTAACGATACCGAAAAAATCTGGCACTGGTGGTATTAACAAGTGGCGTGGAT	5049
Db	1981	GGTAAAGCTAATTAACGATACCGAAAAAATCTGGCACTGGTGGTATTAACAAGTGGCGTGGAT	2040

QY	5050	AAAGAGCGCAACGGCTAACGGCGGATTTTAAAGAACTGTTTGGGTCAAAAACCCAAAACAGATGCG	5109
Db	2041	AAAGAGCGCAACGGCTAACGGCGGATTTTAAAGAACTGTTTGGGTCAAAAACCCAAAACAGATGCG	2100
QY	5110	AGCAAAAAAGCCCTGCTGCGCACTTATAAGCGCGCAAGGTGACAGCCAACTATTGTGACCAAC	5169
Db	2101	AGCAAAAAAGCCCTGCTGCTGCGCACTTATAAGCGCGCAAGGTGACAGCCAACTATTGTGACCAAC	2160
QY	5170	AAACCCGCGAAGCCCATTTGACAGATTAATGAACAAGGATACCGCTTCTTCCATGTCAC	5229
Db	2161	AAACCCGCGAAGCCCATTTGACAGATTAATGAACAAGGATACCGCTTCTTCCATGTCAC	2220
QY	5230	GATGGCATTCAGAGCGCTGTGGTATCAAGGGCGCTAACGGCGATTGACTCAAGTGTCTCAGCG	5289
Db	2221	GATGGCATTCAGAGCGCTGTGGTATCAAGGGCGCTAACGGCGATTGACTCAAGTGTCTCAGCG	2280
QY	5290	AAGCACTCAGTGGCGATAGGTTTCCAGGGCCAAAGGCGATGTGGAAAGCCGCGTGGCCATA	5349
Db	2281	AAGCACTCAGTGGCGATAGGTTTCCAGGGCCAAAGGCGATGTGGAAAGCCGCGTGGCCATA	2340
QY	5350	GCGACACAACCCCAAGCAGGCAACCAATCCATCGCCATCGGTATAGCGACAAGCCACAG	5409
Db	2341	GCGACACAACCCCAAGCAGGCAACCAATCCATCGCCATCGGTATAGCGACAAGCCACAG	2400
QY	5410	GCGCATCAATCCATCGGCATCGGTATACAGGCATGTGTGACAGGTAA	5457
Db	2401	GCGCATCAATCCATCGGCATCGGTATACAGGCATGTGTGACAGGTAA	2448

RESULT	15				
LOCUS	ARI81429				
DEFINITION	Sequence 29 from patent US 6355182.	3030 bp	DNA	linear	PAT 20-APR-2002
ACCESSION	ARI81429				
VERSION	ARI81429.1	GI:20223643			
KEYWORDS	.				
SOURCE	Unknown.				
ORGANISM	Unknown.				
REFERENCE	Unclassified.				
AUTHORS	I (bases 1 to 3030)				
TITLE	Loommore,S.M., Yang,Y.Ping, and Klein,M.H.				
JOURNAL	Recombinant Haemophilus Influenzae adhesin				
FEATURES	Patent: US 6355182-A 29 01-JAN-2002;				
source	Location/Qualifiers				
	1..3030				
	/organism="unknown"				
BASE COUNT	965 a	596 c	786 g	683 t	
ORIGIN					

Query Match	2.4%	Score 146.2	DB 6	Length 3030
Best Local Similarity	58.4%	Pred. No. 9.7e+22		
Matches 281	Conservative 0	Mismatches 186	Indels 12	Gaps 1
QY 5659	AAATGTACGCGACGACGAGTACACCAACACAGAGGTGCACACCGTACGGTTAAAGGC	5718		
Db 2540	AAATGTATGTGTACGCGCGGTAACTCAACTGCTGGCGCAACGGGTAAAGTAAACGCG	2599		
QY 5719	TTTCTGTGACAAACGGCGGTTGGTCCGGATTCGCCGGGTGGCGCTCAGGGTGTCAACCCGT	5778		
Db 2600	TTTGCCTGTGCACACGCGCGACGGTTCGGTTCTGTGCGCGCAAGTGGGGAAGAAAGAGCT	2659		
QY 5779	ATCCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTCAGTCCACACAGCACCGATCGCGTCAATGTATGC	5838		
Db 2660	ATCCAAAACGTCGGCGCGACGGGAATTTCCCTACTTCCACAGATGCATTAAACGGTAGC	2719		
QY 5839	CAGTTGTACAAAGCCACCCCAAGCATTTCCACAGCGAACCAATGAGCTTTGACCATCGTATGC	5898		
Db 2720	CAGTTGTATGCTGTGGCCAAAAGGGGTAAACAAC-----CTTGCTGGACAAAGG	2767		
QY 5899	CACCAAAACGAAATTAAGGCCAATGCAGGATTTTCATCAGCGATGGCGATGGCGTCCATGC	5958		
Db 2768	AATTAAGTGGGCAACACGTGCAGATGCAGGTCAACCAAGTGCATTAGCGGCTTCCACAGTTA	2827		

GenCore version 5.1.4.p5.4578
Copyright (c) 1993 - 2003 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: March 16, 2003, 23:26:03 ; Search time 123.167 Seconds
(without alignments)
15290.693 Million cell updates/sec

Title: US-09-361-619-6
Perfect score: 6141
Sequence: 1 atgaatcacatataaagt.....ttggtgcagtttcactt 6141

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 441362 seqs, 153338381 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 882724

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : Issued_Patents_NA.*

1: /cgn2_6/ptodata/1/lna/5A.COMB.seq:*
2: /cgn2_6/ptodata/1/lna/5B.COMB.seq:*
3: /cgn2_6/ptodata/1/lna/6A.COMB.seq:*
4: /cgn2_6/ptodata/1/lna/6B.COMB.seq:*
5: /cgn2_6/ptodata/1/lna/PC10S.COMB.seq:*
6: /cgn2_6/ptodata/1/lna/backfillseq1.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a
score greater than or equal to the score of the result being printed,
and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	6130	99.8	6973	1	US-08-478-370-1
2	6130	99.8	6973	4	US-08-483-855C-1
3	6130	99.8	6973	4	US-08-621-944A-1
4	6130	99.8	6973	4	US-08-945-567D-1
5	6119	99.6	6975	4	US-08-431-718C-1
6	5976	97.3	5976	4	US-08-621-944A-2
7	5976	97.3	5976	4	US-08-945-567D-2
8	3924.6	63.9	9542	4	US-08-968-685A-9
9	146.2	2.4	3030	4	US-09-268-347-29
10	144.6	2.4	3036	4	US-09-268-347-23
11	83.6	1.4	2037	4	US-08-913-942-14
12	82.8	1.3	3294	4	US-08-409-995-1
13	82.8	1.3	3294	3	US-08-685-467-1
14	82.8	1.3	3294	4	US-08-913-942-1
15	82.8	1.3	3294	4	US-09-268-347-43
16	82.6	1.3	6091	4	US-09-453-702B-200
17	82	1.3	2079	4	US-09-268-347-25
18	76.6	1.2	1812	4	US-09-268-347-37
19	76.6	1.2	3300	4	US-09-268-347-31
20	76.4	1.2	7253	4	US-09-268-347-35
21	76.4	1.2	7291	4	US-08-913-942-3
22	64.8	1.1	5738	1	US-08-409-995-3
23	64.8	1.1	5738	3	US-08-685-467-3
24	60	1.0	60	1	US-08-478-370-4
25	60	1.0	60	4	US-08-431-718C-4
26	60	1.0	60	4	US-08-483-855C-4
27	60	1.0	60	4	US-08-621-944A-7

28	60	1.0	60	4	US-08-945-567D-7	Sequence 7, Appl
29	58.4	1.0	1797	4	US-09-377-155-12	Sequence 12, Appl
30	58.4	1.0	1797	4	US-09-669-974-12	Sequence 12, Appl
31	56.8	0.9	1797	4	US-09-377-155-4	Sequence 4, Appl
32	56.8	0.9	1797	4	US-09-669-974-4	Sequence 4, Appl
33	56	0.9	2643	4	US-09-453-702B-40	Sequence 40, Appl
34	55.2	0.9	1770	4	US-09-377-155-18	Sequence 18, Appl
35	55.2	0.9	1770	4	US-09-669-974-18	Sequence 18, Appl
36	55.2	0.9	1776	4	US-09-377-155-10	Sequence 10, Appl
37	55.2	0.9	1776	4	US-09-377-155-20	Sequence 20, Appl
38	55.2	0.9	1776	4	US-09-669-974-10	Sequence 10, Appl
39	55.2	0.9	1776	4	US-09-669-974-20	Sequence 20, Appl
40	55.2	0.9	1779	4	US-09-377-155-3	Sequence 3, Appl
41	55.2	0.9	1779	4	US-09-669-974-3	Sequence 3, Appl
42	55.2	0.9	2308	4	US-09-377-155-1	Sequence 1, Appl
43	55.2	0.9	2308	4	US-09-669-974-1	Sequence 1, Appl
44	53.8	0.9	7218	1	US-08-232-463-14	Sequence 14, Appl
45	53.6	0.9	1785	4	US-09-377-155-6	Sequence 6, Appl

ALIGNMENTS

```
RESULT 1
US-08-478-370-1
; Sequence 1, Application US/08478370
; Patent No. 5808024
;
GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: SASAKI, Ken
; APPLICANT: HARKNESS, Robin E.
; APPLICANT: LOOSMORE, Sheena M.
; APPLICANT: KLEIN, Michel H.
; TITLE OF INVENTION: HIGH MOLECULAR WEIGHT MAJOR OUTER
; NUMBER OF SEQUENCES: 4
; CORRESPONDENCE ADDRESSES:
; ADDRESSEE: Slim & McBurney
; STREET: Suite 701, 330 University Avenue
; CITY: Toronto
; STATE: Ontario
; COUNTRY: Canada
; ZIP: M5G 1R7
;
COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/478,370
; FILING DATE: 07-JUN-1995
; CLASSIFICATION: 435
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Stewart, Michael I
; REGISTRATION NUMBER: 24,973
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 1038-502
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (416) 595-1155
; TELEFAX: (416) 595-1163
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 6973 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
;
US-08-478-370-1
;
Query Match          99.8%; Score 6130; DB 1; Length 6973;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1;
```

QY 1 ATGAATCACATCTATAAGTCACTTTAACAAGCCACAGCACATTATGCGAGTGGA 60
|||||
DB 542 ATGAATCACATCTATAAGTCACTTTAACAAGCCACAGCACATTATGCGAGTGGA 601

Oy	61	GAGTACGCCAAATCCACAGCAC- GGGGGGGGTACTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAG	119
Db	602	GAGTACGCCAAATCCACAGCACGGGGGGGGGTACTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAG	661
Oy	120	TGTATGCACTGTGAGCTTTTGGCCGTATTTGGCGGGTGGGTCCTGTGTATGCGGTGCAC	179
Db	662	TGTATGCACTGTGAGCTTTTGGCCGTATTTGGCGGGTGGGTCCTGTGTATGCGGTGCAC	721
Oy	180	GCTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATCGAATTGGTGAACA	239
Db	722	GCTCAGTGGCAGTCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATCGAATTGGTGAACA	781
Oy	240	AAACCCAGCCAGAGCGCTCAGGACACTGGCCAGGGGGAGCGTGATCCAGCCATTCGTATTGG	299
Db	782	AAACCCAGCCAGAGCGCTCAGGACACTGGCCAGGGGGAGCGTGATCCAGCCATTCGTATTGG	841
Oy	300	TGAAAAATCTTAACGACAGGGGGGCTCAAGCCATTCGGCATTCGGTAGTAGTAATAAAACGT	359
Db	842	TGAAAAATCTTAACGACAGGGGGGCTCAAGCCATTCGGCATTCGGTAGTAGTAATAAAACGT	901
Oy	360	CAATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCCAT	419
Db	902	CAATGGAAGCAGTTTGGATTAAGATAGGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATCGCCAT	961
Oy	420	CGGTGTGTATTTAAAGCTAGTGTGATGCTTGCTTGATTCGATCGGTAGTATGACTTTACA	479
Db	962	CGGTGTGTATTTAAAGCTAGTGTGATGCTTGCTTGATTCGATCGGTAGTATGACTTTACA	1021
Oy	480	TTTTCCTTGATCAGCATGGTAACTCTTAACATCCGAAGAAGTACTCTGATTAACGATCTTAT	539
Db	1022	TTTTCCTTGATCAGCATGGTAACTCTTAACATCCGAAGAAGTACTCTGATTAACGATCTTAT	1081
Oy	540	TAAAGGCCATGCACTATTAAAGAATACGAAAGTCAAAAGATATGATGTAAATATATAG	599
Db	1082	TAAAGGCCATGCACTATTAAAGAATACGAAAGTCAAAAGATATGATGTAAATATATAG	1141
Oy	600	ACGCACAACGCCAAGGGGAGACACGCGAGTACTGTAGTGGGAGGAGCATGTCTATATGACAGAGG	659
Db	1142	ACGCACAACGCCAAGGGGAGACACGCGAGTACTGTAGTGGGAGGAGCATGTCTATATGACAGAGG	1201
Oy	660	TCATATTTTCCAAACGCTTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAGAAGTCCCTATTCCTTGGCAGT	719
Db	1202	TCATATTTTCCAAACGCTTTTGGTACACGGGCAACAGCTAAAGAAGTCCCTATTCCTTGGCAGT	1261
Oy	720	GGGTCTTTCGCCCCACACGCCAAGGGCCATCTACAAATCGCTATTGGTTCGATGCAACATC	779
Db	1262	GGGTCTTTCGCCCCACACGCCAAGGGCCATCTACAAATCGCTATTGGTTCGATGCAACATC	1321
Oy	780	TAGCTCGTTGGGAGCGATPAGCCCTGGTGCAGTACTCGTGGCAGAGCTACAGGGAGAT	839
Db	1322	TAGCTCGTTGGGAGCGATPAGCCCTGGTGCAGTACTCGTGGCAGAGCTACAGGGAGAT	1381
Oy	840	TGCCCTAGTCAAGCTTCTGTGCTCACTCAGATGTGATTAATTTCTAGACCGGCTATAC	899
Db	1382	TGCCCTAGTCAAGCTTCTGTGCTCACTCAGATGTGATTAATTTCTAGACCGGCTATAC	1441
Oy	900	ACCAAATACCCAGGCACTACAGCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATPAGAGAGCGGGTCC	959
Db	1442	ACCAAATACCCAGGCACTACAGCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATPAGAGAGCGGGTCC	1501
Oy	960	ACTTTTCATTTGGTGTAACTTCAACAGCTAAATATCATCATATGTCGGGTGAGGTGTAA	1019
Db	1502	ACTTTTCATTTGGTGTAACTTCAACAGCTAAATATCATCATATGTCGGGTGAGGTGTAA	1561
Oy	1020	TAAAAACGATCCGCTCAATGTGCACAGCTAGAAAGCGGTGTGGAAGTGGGCTTAAAGAGCG	1079
Db	1562	TAAAAACGATCCGCTCAATGTGCACAGCTAGAAAGCGGTGTGGAAGTGGGCTTAAAGAGCG	1621
Oy	1080	TAGAATTAATTTTCAGGGGTATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATATAGTTTGGATTAATAC	1139
Db	1622	TAGAATTAATTTTCAGGGGTATGATTAACAGTACTGACGTAAAAATATAGTTTGGATTAATAC	1681

Qy	1140	TTTAACTTAAAGGTGTGCAGAGACCAACGATTAAACCGTAAATATATGTGTGTGT	11399
Db	1682	TTTAACTTAAAGGTGTGCAGAGACCAACGATTAAACCGTAAATATATGTGTGTGT	17414
Qy	1200	AAAAGAGCTATATATAGTGTCTGAAAGTAACTTGTCAAACCTTAAACAATCTTAC	12559
Db	1742	AAAAGAGCTATATATAGTGTCTGAAAGTAACTTGTCAAACCTTAAACAATCTTAC	18011
Qy	1260	TGAGTGAAATCAACTACATTAAATGCGACACACAGTTAAAGTAGTAGTAGTAG	13191
Db	1802	TGAGTGAAATCAACTACATTAAATGCGACACACAGTTAAAGTAGTAGTAGTAG	18611
Qy	1320	TACTACAGCTAATTTATAGTAGTATAGTTAACTTTACCAGCCCATACAGCAGTCA	13799
Db	1862	TACTACAGCTAATTTATAGTAGTATAGTTAACTTTACCAGCCCATACAGCAGTCA	19211
Qy	1380	AAGCACAAGCAAAACCGCTATATGGCGTTATVGGGTGAAGTTTACTAATATGCGAATAC	14399
Db	1922	AAGCACAAGCAAAACCGCTATATGGCGTTATVGGGTGAAGTTTACTAATATGCGAATAC	19611
Qy	1440	AACAGCAGCAATCGGCACACTACTGTTATTACAGAGATAAATTTGGCTTGTCTGAGATGG	14999
Db	1982	AACAGCAGCAATCGGCACACTACTGTTATTACAGAGATAAATTTGGCTTGTCTGAGATGG	20411
Qy	1500	TGATGTGTATGATAAACAAGCACCATTATTTGGATAAATAACAATTAAATGTGTGTGT	15599
Db	2042	TGATGTGTATGATAAACAAGCACCATTATTTGGATAAATAACAATTAAATGTGTGTGT	21011
Qy	1560	TGCATTATCCCTATACAAATGSCATATGTGAGTAGTATAAATAAGATCAGTAATCTTGCCAA	16191
Db	2102	TGCATTATCCCTATACAAATGSCATATGTGAGTAGTATAAATAAGATCAGTAATCTTGCCAA	21611
Qy	1620	AGGTAGCAGTGTCAACGATCGGGTTACCATCGAACAAGCTCAAAAGCCGCCAACCTTATT	16799
Db	2162	AGGTAGCAGTGTCAACGATCGGGTTACCATCGAACAAGCTCAAAAGCCGCCAACCTTATT	22211
Qy	1680	AAAGCAGAGCGCTGTGCATCAAGTGTACACACTACTGAAATATATAGTTAGTCTAAGATGG	17399
Db	2222	AAAGCAGAGCGCTGTGCATCAAGTGTACACACTACTGAAATATATAGTTAGTCTAAGATGG	22811
Qy	1740	CAATGTATCCCGCCCACTTACAACATTTGGCGTGAATAACACCGCAGCTTAACAGATAGG	17999
Db	2282	CAATGTATCCCGCCCACTTACAACATTTGGCGTGAATAACACCGCAGCTTAACAGATAGG	23411
Qy	1800	CAGTAGTGATTAATTTAGTGTAAAGGTAGGTGACGAACAATAGCTTAGTTACCCGCCGA	18599
Db	2342	CAGTAGTGATTAATTTAGTGTAAAGGTAGGTGACGAACAATAGCTTAGTTACCCGCCGA	24011
Qy	1860	ACATTTGGCAGGCTATCTAAATGAATGCATGCAACGGGTGACAGTGTCTTACAAGCTT	19199
Db	2402	ACATTTGGCAGGCTATCTAAATGAATGCATGCAACGGGTGACAGTGTCTTACAAGCTT	24611
Qy	1920	TACCGTTAAACAACAACAGATGATGACGCAACGCTATACCGTGGCTAAAGATAGAC	19799
Db	2462	TACCGTTAAACAACAACAGATGATGATGACGCAACGCTATACCGTGGCTAAAGATAGAC	25211
Qy	1980	AAAAAATGCGCGCAGTCAAGCATCTTAAAACTCAAAAGGTAAAAAAGCTTAAACGTTTGC	20399
Db	2522	AAAAAATGCGCGCAGTCAAGCATCTTAAAACTCAAAAGGTAAAAAAGCTTAAACGTTTGC	25811
Qy	2040	TACCAAAAAAGATGTATCGGTTACCTTTGGCGTTAGCCAAAGTATCGGCTGTACCACTTGG	20999
Db	2582	TACCAAAAAAGATGTATCGGTTACCTTTGGCGTTAGCCAAAGTATCGGCTGTACCACTTGG	26411
Qy	2100	CAAAAGAACCCTAACAACAGATGGCTTGAAGTAAAGTACCAACGAACAAATCCAAAGT	21599
Db	2642	CAAAAGAACCCTAACAACAGATGGCTTGAAGTAAAGTACCAACGAACAAATCCAAAGT	27011
Qy	2160	CGGTGCTAATGCAATTAATTTACTAATGATGATGATGATATCCAGGATCGGATATGC	22199
Db	2702	CGGTGCTAATGCAATTAATTTACTAATGATGATGATGATATCCAGGATCGGATATGC	27611
Qy	2220	AAATACCGCTGCATTACAGAGATAAATTTGGCTTTGCTGGTTCTGATGGTGCAGTTGA	22799

Db 2762 AAATACCGCTGCGATTACAGAGATAAATGGCTTGCCTGCTGATGGTGCAGTTGA 2821
Qy 2280 TACAAACAACCTTATCTTATCATCAGACAGCTTCAAGTTGGCAATGTTAAGATTACCA 2339
Db 2822 TACAAACAACCTTATCTTATCATCAGACAGCTTCAAGTTGGCAATGTTAAGATTACCA 2881
Qy 2340 CACTGGATTACAGAGGTGGTAAAGCCATCAGAGGCTGCCCAACACTGCTAGCAT 2399
Db 2882 CACTGGATTACAGAGGTGGTAAAGCCATCAGAGGCTGCCCAACACTGCTAGCAT 2941
Qy 2400 TGGCGATCAAGTAGAGCCGACATAGAACTGGGCAATACATCCAGACAAAGCAAAATC 2459
Db 2942 TGGCGATCAAGTAGAGCCGACATAGAACTGGGCAATACATCCAGACAAAGCAAAATC 3001
Qy 2460 CAACGCTGCCAGCTTATGATATATTAATACAGGCTTTAACCCTAAATAATTAACAA 2519
Db 3002 CAACGCTGCCAGCTTATGATATATTAATTAAGGCTTTAACCCTAAATAATTAACAA 3061
Qy 2520 CCCCATGACTTGTGTCCACTTATGACATTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC 2579
Db 3062 CCCCATGACTTGTGTGTCCACTTATGACATTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC 3121
Qy 2580 CGCCACAGTAACCCATGATACCGCTAACAAACCAAGTGGTATATGATGTAATGT 2639
Db 3122 CGCCACAGTAACCCATGATACCGCTAACAAACCAAGTGGTATATGATGTAATGT 3181
Qy 2640 GGATGATACAACTTATATCTACAGAGCAGTATGACATTAATAAACTTGGCGTCAAAAC 2699
Db 3182 GGATGATACAACTTATATCTACAGAGCAGTATGACATTAATAAACTTGGCGTCAAAAC 3241
Qy 2700 CACCAAACTGACAAACAAGTGTATGTAATACAGCACTTAACCTTAATGTTAACTC 2759
Db 3242 CACCAAACTGACAAACAAGTGTATGTAATACAGCACTTAACCTTAATGTTAACTC 3301
Qy 2760 TAGTATGAAGATGCCCTTGTAAAGCCAAAGACATGCCGAAATCTAAACACCTAGC 2819
Db 3302 TAGTATGAAGATGCCCTTGTAAAGCCAAAGACATGCCGAAATCTAAACACCTAGC 3361
Qy 2820 CAAGGAATTCACACCAACCAAGGACAGACAGACCGCCCTAACAACTTACCGTTAA 2879
Db 3362 CAAGGAATTCACACCAACCAAGGACAGACAGACCGCCCTAACAACTTACCGTTAA 3421
Qy 2880 AAAGGTGATGAATAATATATGCTGATGACGCAACGCCATCAACCGTGGTCAAAAGAA 2939
Db 3422 AAAGGTGATGAATAATATATGCTGATGACGCAACGCCATCAACCGTGGTCAAAAGAA 3481
Qy 2940 CGCAATATATCAAGTCAACACCTTAACACTCAAGGTGAAGAAAGGCTTTAATTTAAAC 2999
Db 3482 CGCAATATATCAAGTCAACACCTTAACACTCAAGGTGAAGAAAGGCTTTAATTTAAAC 3541
Qy 3000 CGACAAAATGATGATGCTTACCTTTGGCATTAACACCAAGCGGCTTTAAAGCGGCAA 3059
Db 3542 CGACAAAATGATGATGCTTACCTTTGGCATTAACACCAAGCGGCTTTAAAGCGGCAA 3601
Qy 3060 AAGCAACCTTAACAGCGGTGGCTGTCTATTAATAAACCCCACTGGTAGCAAAATCA 3119
Db 3602 AAGCAACCTTAACAGCGGTGGCTGTCTATTAATAAACCCCACTGGTAGCAAAATCA 3661
Qy 3120 AGTCGGTCTGATGGCTGAAGTTGCCAAGTTAATTAATGATGTTGATGCTGCG 3179
Db 3662 AGTCGGTCTGATGGCTGAAGTTGCCAAGTTAATTAATGATGTTGATGCTGCG 3721
Qy 3180 CATGATGATGACACTGCTATTAACAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATAGGCTC 3239
Db 3722 CATGATGATGACACTGCTATTAACAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATAGGCTC 3781
Qy 3240 ACTGATTAAGCAAAACCCCACTAAGCAAAAGAGCGCATTAAGGAGGTGTAATAAGAT 3299
Db 3782 ACTGATTAAGCAAAACCCCACTAAGCAAAAGAGCGCATTAAGGAGGTGTAATAAGAT 3841
Qy 3300 TACCAACATTCATCAGGTGATTTGCCAAAGACCCATGATGCTGTGACAGGCGGCAA 3359
Db 3842 TACCAACATTCATCAGGTGATTTGCCAAAGACCCATGATGCTGTGACAGGCGGCAA 3901
Qy 3360 GATTATGATTTAAAAAACCAGACTTGAATAAATAATCGAGTACTGCCAATAAGACACA 3419
Db 3902 GATTATGATTTAAAAAACCAGACTTGAATAAATAATCGAGTACTGCCAATAAGACACA 3961
Qy 3420 AAATCATTTACAGCAATCTCAGTAGAGTAACAAAGCTAATTAATCTTACGTTAGTAA 3479
Db 3962 AAATCATTTACAGCAATCTCAGTAGAGTAACAAAGCTAATTAATCTTACGTTAGTAA 4021
Qy 3480 CCCCTTACTCAGTTATGACACCTCAAGACCTTGATGTCATCACTTTGACAGTGAATA 3539
Db 4022 CCCCTTACTCAGTTATGACACCTCAAGACCTTGATGTCATCACTTTGACAGTGAATA 4081
Qy 3540 CGGCATTTACCAACAGTAATTAAGGTGTGTGTGGTGGCATTTGACCAAAACCAAG 3599
Db 4082 CGGCATTTACCAACAGTAATTAAGGTGTGTGTGGTGGCATTTGACCAAAACCAAG 4141
Qy 3600 CTTAACACAGGCTTAAGCTGACCGGTGGTAAATTAATTAATGGAAGGCAATTTGATGACAG 3659
Db 4142 CTTAACACAGGCTTAAGCTGACCGGTGGTAAATTAATTAATGGAAGGCAATTTGATGACAG 4201
Qy 3660 CCAAAATGCTCAAAATACCATACAGAGCTAAGCAACACTAGCTAATGTTACCAATGA 3719
Db 4202 CCAAAATGCTCAAAATACCATACAGAGCTAAGCAACACTAGCTAATGTTACCAATGA 4261
Qy 3720 TAAAGGTAGGTAGGACACACAGAACAGGCAATTAATCAAGACGAACAAACCCG 3779
Db 4262 TAAAGGTAGGTAGGACACACAGAACAGGCAATTAATCAAGACGAACAAACCCG 4321
Qy 3780 TGCCGCCAGCATTTGTTGATGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAGAGCAATGTGAAGC 3839
Db 4322 TGCCGCCAGCATTTGTTGATGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAGAGCAATGTGAAGC 4381
Qy 3840 GGTGACTTTGTCTCACTTATGACACCGCTCAACTTTGCCATGCAATGCGACACCGC 3899
Db 4382 GGTGACTTTGTCTCACTTATGACACCGCTCAACTTTGCCATGCAATGCGACACCGC 4441
Qy 3900 TAAAGTACGTATGATGACACAGCAAAACCAAGTAAAGTGGCTATGATGATCAATGTGA 3959
Db 4442 TAAAGTACGTATGATGACACAGCAAAACCAAGTAAAGTGGCTATGATGATCAATGTGA 4501
Qy 3960 TGATCAACCATTTGAAGTTAAAGATTAATAAACTTGGCGTAAATAAACACACATTGACAG 4019
Db 4502 TGATCAACCATTTGAAGTTAAAGATTAATAAACTTGGCGTAAATAAACACACATTGACAG 4561
Qy 4020 TACTGGCACAGGTGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGCCCTTGT 4079
Db 4562 TACTGGCACAGGTGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGTACTGGCGATGCCCTTGT 4621
Qy 4080 CAAGGCCAGTGTATGCTTGGCTATTAACACCTTATCTGGCGACATCCAACTGCCAA 4139
Db 4622 CAAGGCCAGTGTATGCTTGGCTATTAACACCTTATCTGGCGACATCCAACTGCCAA 4681
Qy 4140 AAGGGCAAGCCAAAGCAACACTGACAGGCTATGTGATGCTGATGCAATTAAGTCAAT 4199
Db 4682 AAGGGCAAGCCAAAGCAACACTGACAGGCTATGTGATGCTGATGCAATTAAGTCAAT 4741
Qy 4200 CTATGACAGTACCGATTAACAGTACTATTCAGCCAAATATGTCACAGTGTGATTAAC 4259
Db 4742 CTATGACAGTACCGATTAACAGTACTATTCAGCCAAATATGTCACAGTGTGATTAAC 4801
Qy 4260 CAAGAAGTGGCAAAAGCAAACTGGTGGCCCAACCCCAAGCCAGATGGCAATTTGGC 4319
Db 4802 CAAGAAGTGGCAAAAGCAAACTGGTGGCCCAACCCCAAGCCAGATGGCAATTTGGC 4861
Qy 4320 TCAATGATGTCAATCAATGCTATTAACAAAGAACAGTAATTAATGATGCAATTAAGCA 4379
Db 4862 TCAATGATGTCAATCAATGCTATTAACAAAGAACAGTAATTAATGATGCAATTAAGCA 4921
Qy 4380 AGGCATCAATGAAGCAACGCTTTGTTAAGGACTTGAAGAGCCGCTTGTGATTAACA 4439
Db 4922 AGGCATCAATGAAGCAACGCTTTGTTAAGGACTTGAAGAGCCGCTTGTGATTAACA 4981

OY	4440	AACCAAAAACCCGACGTAAGTCTGGGTGATTTAAATGGCGTGGCCAAACACCGCTAC	4439
Db	4982	AACCAAAAACCCCGACGTAAGTCTGGGTGATTTAAATGGCGTGGCCAAACACCGCTAC	5011
OY	4500	CTTTGACAGGGATACAGGCAACACGGCTAAAAAACCTGGGCGAGACTTTGACCATCAAG	4559
Db	5042	CTTTGACAGGGATACAGGCAACACGGCTAAAAAACCTGGGCGAGACTTTGACCATCAAG	5101
OY	4560	TGGGCAAAACACACCAATTAAGCTAAACCGGTATTAACATCTGGGTGTGTAGCAGGTACGA	4619
Db	5102	TGGGCAAAACACACCAATTAAGCTAAACCGGTATTAACATCTGGGTGTGTAGCAGGTACGA	5161
OY	4620	TGGCTTCACTGTCAAACTGTGCGCAAGACGCTAACCAATCTTAAACAGCGTTAAATGACGTG	4679
Db	5162	TGGCTTCACTGTCAAACTGTGCGCAAGACGCTAACCAATCTTAAACAGCGTTAAATGACGTG	5221
OY	4680	CACCAAAATTTGATATGACAAAGCGCTGTCTTTTGTAGCTAAAGCGGTCAAGCCAAAGCAA	4739
Db	5222	CACCAAAATTTGATATGACAAAGCGCTGTCTTTTGTAGCTAAAGCGGTCAAGCCAAAGCAA	5281
OY	4740	CACCCCTGTGCTAAGTATGCAANTGAGGCGTGACCTGGGTGGCAAGGTATCAGTAATGTGG	4799
Db	5282	CACCCCTGTGCTAAGTATGCAANTGAGGCGTGACCTGGGTGGCAAGGTATCAGTAATGTGG	5341
OY	4800	CAAAAGCACAAGATACGAGCCTGCGCAATGTACAAAGTTAAAGAAATACGCACTT	4859
Db	5342	CAAAAGCACAAGATACGAGCCTGCGCAATGTACAAAGTTAAAGAAATACGCACTT	5401
OY	4860	GTTGGGCTTGTGTATTCCTGTATGATTAAGCTGAGCGCATCAGGTAAACATTTGCCGA	4919
Db	5402	GTTGGGCTTGTGTATTCCTGTATGATTAAGCTGAGCGCATCAGGTAAACATTTGCCGA	5461
OY	4920	CATCAAAAAGAACCCAAATTCAGGTTTCATATCTAACGCGCACTGTATCAAAAGCAGCAC	4979
Db	5462	CATCAAAAAGAACCCAAATTCAGGTTTCATATCTAACGCGCACTGTATCAAAAGCAGCAC	5521
OY	4980	GGTACTTTGGGGGTAAAGGTAAATAGCATACCGAAAACCTGSCACTGGGTGATTAACAGT	5039
Db	5522	GGTACTTTGGGGGTAAAGGTAAATAGCATACCGAAAACCTGSCACTGGGTGATTAACAGT	5581
OY	5040	GGGCGTGGATTAAGACGCGCAACGCTTAACGGCGATTTTAAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCA	5099
Db	5582	GGGCGTGGATTAAGACGCGCAACGCTTAACGGCGATTTTAAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCA	5641
OY	5100	AAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCCGCACTTATACGCCGCAAGTCAAGCCACTA	5159
Db	5642	AAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCCGCACTTATACGCCGCAAGTCAAGCCACTA	5701
OY	5160	TTTACCAACAAACCCCGCAGAACCCATTGACAGAAATTAATGAACAAAGGTATCCGTTCTT	5219
Db	5702	TTTACCAACAAACCCCGCAGAACCCATTGACAGAAATTAATGAACAAAGGTATCCGTTCTT	5761
OY	5220	CCATGTCAACGATGGCAATCAGAGGCTGTGTATCAAGGGCGCTAACGGCATTTGACTCAAG	5279
Db	5762	CCATGTCAACGATGGCAATCAGAGGCTGTGTATCAAGGGCGCTAACGGCATTTGACTCAAG	5821
OY	5280	TGCGCTCAGGCAACGATCAGTGGCCGATAGGTTTCCAGGCGCAAGCGACAGATGTGAAAGCCG	5339
Db	5822	TGCGCTCAGGCAACGATCAGTGGCCGATAGGTTTCCAGGCGCAAGCGACAGATGTGAAAGCCG	5881
OY	5340	CGTTGGCCATAGGAGACAAACCCCAACAGGCAACCAATTCATCGGCATCGGTGTAAACGC	5399
Db	5882	CGTTGGCCATAGGAGACAAACCCCAACAGGCAACCAATTCATCGGCATCGGTGTAAACGC	5941
OY	5400	ACAAGCCAGGGGCGATCATTCATCGCCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGGTTAAGCA	5459
Db	5942	ACAAGCCAGGGGCGATCATTCATCGCCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGGTTAAGCA	6001
OY	5460	CTCTGGGTGCANTGGGCGAACCAGCAAGCTGTAAAGCTGTATACTTAACCTTAAGTGGGTA	5519
Db	6002	CTCTGGGTGCANTGGGCGAACCAGCAAGCTGTAAAGCTGTATACTTAACCTTAAGTGGGTA	6061

OY	5530	TAAACACAGTTTACCATGTCACCTCAAAACCCATGCTTGGTGGCAATAACATAC	5579
Db	6062	TAAACACAGTTTACCATGTCACCTCAAAACCCATGCTTGGTGGCAATAACATAC	6121
OY	5580	CGTACCGAAAGTACTCGGTGTGCCTTAGTTTAAACTGTCCATCACTGCGAGGCACA	5639
Db	6122	CGTACCGAAAGTACTCGGTGTGCCTTAGTTTAAACTGTCCATCACTGCGAGGCACA	6181
OY	5640	CGCAGGCACACAAAGCCAAAATAATCTACGGCAGCAGGTATACACACCACAGCAGGTGC	5699
Db	6182	CGCAGGCACACAAAGCCAAAATAATCTACGGCAGCAGGTATACACACCACAGCAGGTGC	6241
OY	5700	AACCGGTACGGTTAAAGGCTTCTGTGACAAAAGCGGCTGTGGTGGCTCTCCGTGGTGC	5759
Db	6242	AACCGGTACGGTTAAAGGCTTCTGTGACAAAAGCGGCTGTGGTGGCTCTCCGTGGTGC	6301
OY	5760	CTCAGGTCTGAAGCCGCTATCCAAAATGTGCGAGCAGGTGAGTGCATCTGCCACAGAC	5819
Db	6302	CTCAGGTCTGAAGCCGCTATCCAAAATGTGCGAGCAGGTGAGTGCATCTGCCACAGAC	6361
OY	5820	CGATGGCGTCAATAGTGTAGCCAGTTTGTACAAACCCAAACCAATCTGGCAAGCACCA	5879
Db	6362	CGATGGCGTCAATAGTGTAGCCAGTTTGTACAAACCCAAACCAATCTGGCAAGCACCA	6421
OY	5880	TGACCTTGACCATCGATCTCCACCAAAACGAAATAAGGCCAATGCGAGGATTTTCATGAC	5939
Db	6422	TGACCTTGACCATCGATCTCCACCAAAACGAAATAAGGCCAATGCGAGGATTTTCATGAC	6481
OY	5940	GATGGCATGGCCCATGTGCAACACCTTCAATCTCTGGCAATCATCTAGTTTACCGGGG	5999
Db	6482	GATGGCATGGCCCATGTGCAACACCTTCAATCTCTGGCAATCATCTAGTTTACCGGGG	6541
OY	6000	TATTGCCACCCACAAAGGTCAGGTGCGGTGCGCACTGGACCTGTGCAAGCTGTGCAATA	6059
Db	6542	TATTGCCACCCACAAAGGTCAGGTGCGGTGCGCACTGGACCTGTGCAAGCTGTGCAATA	6601
OY	6060	TGTCATATGGGTATTTAAATCAATGTTTACCCCATACCCAAAGGCATGTAGGGGGGC	6119
Db	6602	TGTCATATGGGTATTTAAATCAATGTTTACCCCATACCCAAAGGCATGTAGGGGGGC	6661
OY	6120	AGTGTGTCAGGTTTCACCTT 6141	
Db	6662	AGTGTGTCAGGTTTCACCTT 6683	

RESULT 2
 US-08-483-855C-1
 Sequence 1, Application US/08483855C
 Patent No. 6440424
 GENERAL INFORMATION:
 APPLICANT: Sasaki, Ken
 APPLICANT: Harkness, Robin E.
 APPLICANT: Loosmore, Sheena M.
 APPLICANT: Klein, Michel H.
 TITLE OF INVENTION: HIGH MOLECULAR WEIGHT MAJOR OUTER MEMBRANE PROTEIN OF
 TITLE OF INVENTION: MORAXELLA
 FILE REFERENCE: 1038-503 MIS
 CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/483,855C
 CURRENT FILING DATE: 1995-06-07
 PRIOR APPLICATION NUMBER: 08/431,718
 PRIOR FILING DATE: 1995-05-01
 NUMBER OF SEQ ID NOS: 4
 SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
 SEQ ID NO 1
 LENGTH: 6973
 TYPE: DNA
 ORGANISM: Moraxella catarrhalis
 US-08-483-855C-1

Query Match	99.88;	Score 6130;	DB 4;	length 6973;
Best Local Similarity	100.08;	Pred. No. 0;		
Matches 6141;	Conservative 0;	Mismatches 0;	Indels 1;	Gaps 1;


```
Db 2702 CGGTGCTAATGGCAATTAATTTACTAATGATGTGAATGATGTAATCCAGGTAAGTGGCATTGC 2761
Oy 2220 AAATACCGCTGGCATTTACCAAGATATAATGGCTTTGCTGTTGATGGTGGCAGTTGA 2279
Db 2762 AAAATACCGCTGGCATTTACCAAGATATAATGGCTTTGCTGTTGATGGTGGCAGTTGA 2821
Oy 2280 TACAACCAAAACCTTATCTGTGATCAAGACACAGTACAACTGGCAATGTTAAAGATTACCA 2339
Db 2822 TACAACCAAAACCTTATCTGTGATCAAGACACAGTACAACTGGCAATGTTAAAGATTACCA 2881
Oy 2340 CACTGGCATTTAAGCAGAGTGTGAAGCCATCAAGCGCTGTCCCAACAGCTGCTAGCAT 2399
Db 2882 CACTGGCATTTAAGCAGAGTGTGAAGCCATCAAGCGCTGTCCCAACAGCTGCTAGCAT 2941
Oy 2400 TGGCGATTAAGTAGCCCAACATGAGCAATGAGCAATCCAAAGCAAAAGCAAAATC 2459
Db 2942 TGGCGATTAAGTAGCCCAACATGAGCAATGAGCAATCCAAAGCAAAAGCAAAATC 3001
Oy 2460 CAACGCTCCAGCATTAATGATATATTAATTAACAGCTTTAACTTAATAAATAATTAACAA 2519
Db 3002 CAACGCTCCAGCATTAATGATATATTAATTAACAGCTTTAACTTAATAAATAATTAACAA 3061
Oy 2520 CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTTGCAATGGCAATGGCACCAC 2579
Db 3062 CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTTGCAATGGCACCAC 3121
Oy 2580 GCGCCATTAACCCATGATACCGGCTAACAAAACAGTAAGGTATATGATGATGATGT 2639
Db 3122 GCGCCATTAACCCATGATACCGGCTAACAAAACAGTAAGGTATATGATGATGATGT 3181
Oy 2640 GGATGATACAAACCATTTGATCTAACAAGCACTGATGACAAATAAATAAATTTGGCGTCAAAAC 2699
Db 3182 GGATGATACAAACCATTTGATCTAACAAGCACTGATGACAAATAAATAAATTTGGCGTCAAAAC 3241
Oy 2700 CACCAACTGGAACAACAAGGCTAATGGTAAATGACAACTTAATGTTAACTC 2759
Db 3242 CACCAACTGGAACAACAAGGCTAATGGTAAATGACAACTTAATGTTAACTC 3301
Oy 2760 TAGTGATGAAGATGCGCTTGTTAACGCCAAGACATCGCGCAAAATCTTAACACCCCTAGC 2819
Db 3302 TAGTGATGAAGATGCGCTTGTTAACGCCAAGACATCGCGCAAAATCTTAACACCCCTAGC 3361
Oy 2820 CAAGCAAAATTCACACCACCAAAAGGCAAGACAGACACCGCCCTTAACAACCTTTAACGTTAA 2879
Db 3362 CAAGCAAAATTCACACCACCAAAAGGCAAGACAGACACCGCCCTTAACAACCTTTAACGTTAA 3421
Oy 2880 AAAGTAGTAGTAATTAATTAATGATGATGAGCCAAAGCCATCACCGTGGTCAAAAAGA 2939
Db 3422 AAAGTAGTAGTAATTAATTAATGATGATGAGCCAAAGCCATCACCGTGGTCAAAAAGA 3481
Oy 2940 CGCAAAATATCAAGTCAACACCCCTAACAACCTCAAAAGGTGAAGAGCTTTAATATTAAAC 2999
Db 3482 CGCAAAATATCAAGTCAACACCCCTAACAACCTCAAAAGGTGAAGAGCTTTAATATTAAAC 3541
Oy 3000 CGACAAAAATGTTACGGTTACCTTTGGCTTTAAACACACAAGCGGCTTTAAAGCGGCA 3059
Db 3542 CGACAAAAATGTTACGGTTACCTTTGGCTTTAAACACACAAGCGGCTTTAAAGCGGCA 3601
Oy 3060 AAGCAACCCCTAAAGCAAGGCTGCTGCTATTAAAAAACCACATGGTAGGAACAATAATCA 3119
Db 3602 AAGCAACCCCTAAAGCAAGGCTGCTGCTATTAAAAAACCACATGGTAGGAACAATAATCA 3661
Oy 3120 ACTGCGTGTGATGGGTGAAGTTTGCCAAAGTTAATAATAATGTTGTAAGTGTCTGG 3179
Db 3662 ACTGCGTGTGATGGGTGAAGTTTGCCAAAGTTAATAATAATGTTGTAAGTGTCTGG 3721
Oy 3180 CATTTGATGGCAACTGCGATTACAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGTGCTC 3239
Db 3722 CATTTGATGGCAACTGCGATTACAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGTGCTC 3781
Oy 3240 ACTTGTAATAAGCAAAACCCACCTAAGCAAAAGCGGCTTTAAAGCGAGGTGTTAAAGAT 3299
Db 3782 ACTTGTAATAAGCAAAACCCACCTAAGCAAAAGCGGCTTTAAAGCGAGGTGTTAAAGAT 3841

Oy 3300 TACCACATTCATCAGGTGATGATGGCCAAACAGCCATGATGCTGACAGGGGCAA 3359
Db 3842 TACCACATTCATCAGGTGATGATGGCCAAACAGCCATGATGCTGACAGGGGCAA 3901
Oy 3360 GATTTATGATTTAAAAACCGAAGCTTTGAAGCAAAATGCAAGTACTGCCAAACAGACA 3419
Db 3902 GATTTATGATTTAAAAACCGAAGCTTTGAAGCAAAATGCAAGTACTGCCAAACAGACA 3961
Oy 3420 AAACATTTACAGCAATCTCAGTAGCAGATGAACAAAGTAAATTAACCTTACGGTTAGTAA 3479
Db 3962 AAACATTTACAGCAATCTCAGTAGCAGATGAACAAAGTAAATTAACCTTACGGTTAGTAA 4021
Oy 3480 CCCCATTGCTGATTTGACACCTCAAAAGCCTGATGCTATCACTTTGCAAGGTGAAA 3539
Db 4022 CCCCATTGCTGATTTGACACCTCAAAAGCCTGATGCTATCACTTTGCAAGGTGAAA 4081
Oy 3540 GCGCATTTACCAACCAAGTAAATTAAGGTGTGCTGCTGGGCTATTGACCAAAACCAAG 3599
Db 4082 GCGCATTTACCAACCAAGTAAATTAAGGTGTGCTGCTGGGCTATTGACCAAAACCAAG 4141
Oy 3600 CTTAACCAAGCCTAAGTACCGGTGGTAAATTAATGCAAAAGGCAATTTGATTAACAG 3659
Db 4142 CTTAACCAAGCCTAAGTACCGGTGGTAAATTAATGCAAAAGGCAATTTGATTAACAG 4201
Oy 3660 CCAAAATGGTCAAAATTAACATCACAGGACTAAGCAACACTGATGATTTTACCAATGA 3719
Db 4202 CCAAAATGGTCAAAATTAACATCACAGGACTAAGCAACACTGATGATTTTACCAATGA 4261
Oy 3720 TAAAGGTAGCGTACGACACCAAGCAAGGCAATTAATCAAAAGGCAAAAGCAAAACCG 3779
Db 4262 TAAAGGTAGCGTACGACACCAAGCAAGGCAATTAATCAAAAGGCAAAAGCAAAACCG 4321
Oy 3780 TGCCCGCAGCATTTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGAAGCAATGTTGAAGC 3839
Db 4322 TGCCCGCAGCATTTGTTGATGTGCTTAAGCGCAGGCTTTAACTTGAAGCAATGTTGAAGC 4381
Oy 3840 GGTACATTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCATTTGGCATTGCCACACCGC 3899
Db 4382 GGTACATTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCATTTGGCATTGCCACACCGC 4441
Oy 3900 TAAAGTGACCTGATGACACCAAGCAAAACAGTAAGGTGCTTATGATGTCATGTTGA 3959
Db 4442 TAAAGTGACCTGATGACACCAAGCAAAACAGTAAGGTGCTTATGATGTCATGTTGA 4501
Oy 3960 TGATCAACCATTTGAAGTTAAAGATTAATAAACCCTTGCTTAATAACCACTTGAACAG 4019
Db 4502 TGATCAACCATTTGAAGTTAAAGATTAATAAACCCTTGCTTAATAACCACTTGAACAG 4561
Oy 4020 TACTGGCAGAGTGGCTAATAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGTACTGGGATGGCGCTGT 4079
Db 4562 TACTGGCAGAGTGGCTAATAATTTGGCCTTAAGCAATCAAGTACTGGGATGGCGCTGT 4621
Oy 4080 CAAGGCGAGTATGCTGCTCATCTAATAACACTTATCTGCGACATTCAAACTGCCAA 4139
Db 4622 CAAGGCGAGTATGCTGCTCATCTAATAACACTTATCTGCGACATTCAAACTGCCAA 4681
Oy 4140 AAGGGCAAGCCAAAGCAAGCAACTGACAGAGTATGTGATGTGATGCAATTAAGTCAAT 4199
Db 4682 AAGGGCAAGCCAAAGCAAGCAACTGACAGAGTATGTGATGTGATGCAATTAAGTCAAT 4741
Oy 4200 CTATGACATTAACGATTAACAACTATCAAGCCAAAAATGATGGCAAGTTGAATAAC 4259
Db 4742 CTATGACATTAACGATTAACAACTATCAAGCCAAAAATGATGGCAAGTTGAATAAC 4801
Oy 4260 CAAAGAAATTTGCCAAAGACAAACTGCTGCCCAAGGCCAAACCCAGATGGCATTGGC 4319
Db 4802 CAAAGAAATTTGCCAAAGACAAACTGCTGCCCAAGGCCAAACCCAGATGGCATTGGC 4861
Oy 4320 TCAAAATGAATGTCAAAATCAAGTAAATTAAGCAAGCAAGTAAATGATGCCAATTAAGCA 4379
Db 4862 TCAAAATGAATGTCAAAATCAAGTAAATTAAGCAAGCAAGTAAATGATGCCAATTAAGCA 4921
```


QY	4380	AGGATCAATGAAGACAAACGCGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCGGCTTCGATTAACA	44359
Db	4922	AGGATCAATGAAGACAAACGCGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCGGCTTCGATTAACA	4981
QY	4440	AACCAAAACGCGGCAAGTAAGTGGGTATTTAAATGCCCTTTGCCAAACACCGCTGAC	4499
Db	4982	AACCAAAACGCGGCAAGTAAGTGGGTATTTAAATGCCCTTTGCCAAACACCGCTGAC	5041
QY	4500	CTTTGCAGGGGATTCAGGCAACACGCGTAAATAAACTGGGCGAGACTTTGACCATTAAAG	4559
Db	5042	CTTTGCAGGGGATTCAGGCAACACGCGTAAATAAACTGGGCGAGACTTTGACCATTAAAG	5101
QY	4560	TGGGCAACAGACACCAATAGGTAACGCGTATTAACATCGGTGGTGGTAGCAGGTAACGA	4619
Db	5102	TGGGCAACAGACACCAATAGGTAACGCGTATTAACATCGGTGGTGGTAGCAGGTAACGA	5161
QY	4620	TGGCTTCAGTGTCAAACTTGCCAAAGACCTAACCAATCTTAAACACGCTTAATGACAGTGG	4679
Db	5162	TGGCTTCAGTGTCAAACTTGCCAAAGACCTAACCAATCTTAAACACGCTTAATGACAGTGG	5221
QY	4680	CACCAAAATTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA	4739
Db	5222	CACCAAAATTGATGACAAAGGCGTGTCTTTTGAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA	5281
QY	4740	CACCCCTGTGCTAAGTGGCCAAATGGGCTGGAGACCTGGGTCAGAGTCAATCAGTAATGTGG	4799
Db	5282	CACCCCTGTGCTAAGTGGCCAAATGGGCTGGAGACCTGGGTCAGAGTCAATCAGTAATGTGG	5341
QY	4800	CAAAAGCACAACAAAGATATCCAGCGCTGCCAATGACAAACAGTAAAGCAAGATACCAACT	4859
Db	5342	CAAAAGCACAACAAAGATATCCAGCGCTGCCAATGACAAACAGTAAAGCAAGATACCAACT	5401
QY	4860	GTTGGGTCTTGTAATGCTGTGTAATGATATAACGCTGACGGCAATCAGTAAACATTGGCGA	4919
Db	5402	GTTGGGTCTTGTAATGCTGTGTAATGATATAACGCTGACGGCAATCAGTAAACATTGGCGA	5461
QY	4920	CATCAAAAAAGACCCAAATTGACGTTCAATCATCTAACGCGCATGTGATCAAAAGCAGGAC	4979
Db	5462	CATCAAAAAAGACCCAAATTGACGTTCAATCATCTAACGCGCATGTGATCAAAAGCAGGAC	5521
QY	4980	GGTACTTGGCGGTAAAGTAAATAGCATACCGAAACCTTGGCACTGGTGTATCAAGT	5039
Db	5522	GGTACTTGGCGGTAAAGTAAATAGCATACCGAAACCTTGGCACTGGTGTATCAAGT	5581
QY	5040	GGGCGTGGATTAAGACGGGCAACGCTTAACGGCGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCA	5099
Db	5582	GGGCGTGGATTAAGACGGGCAACGCTTAACGGCGATTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCA	5641
QY	5100	AAAAGATGGGAGCAAAAAACCCCTGCTGCCCACTTAACGGCGGCAAGGCAACCACTA	5159
Db	5642	AAAAGATGGGAGCAAAAAACCCCTGCTGCCCACTTAACGGCGGCAAGGCAACCACTA	5701
QY	5160	TTTGACCAACACCCCGCAGAACCCATTGACAGAAATTAATGAACAAGGATACCGCTCTT	5219
Db	5702	TTTGACCAACACCCCGCAGAACCCATTGACAGAAATTAATGAACAAGGATACCGCTCTT	5761
QY	5220	CCATGTCACGATGGCAATCAGAAGCCTGTGGTACAAAGGGCGTAAACGGCATTTGACTCAAG	5279
Db	5762	CCATGTCACGATGGCAATCAGAAGCCTGTGGTACAAAGGGCGTAAACGGCATTTGACTCAAG	5821
QY	5280	TGCTTCAGGCAACACTCACTAGTGGCGATAGTTTCCAGGCAAGGCGAGATGTGGAAGCGCG	5339
Db	5822	TGCTTCAGGCAACACTCACTAGTGGCGATAGTTTCCAGGCAAGGCGAGATGTGGAAGCGCG	5881
QY	5340	CGTTGGCCATAGGAGCAAAACCCCAACAGGCAACCAATCATCGGCAATCGGGGATTAACGC	5399
Db	5882	CGTTGGCCATAGGAGCAAAACCCCAACAGGCAACCAATCATCGGCAATCGGGGATTAACGC	5941
QY	5400	ACAAGCACGGGCGATCAATCCATCGCCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAGCA	5459
Db	5942	ACAAGCACGGGCGATCAATCCATCGCCATCGGTACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAGCA	6001
QY	5460	CTCTGGGTGCATCGCGGAGCCCAAGCACTGTTAAAGCTGTATTAACGTTTCACTGTGGGTAA	5519

Db	6002	CTCTGCTGCGCATTCGGCGACCCCAAGCCACTGTAAAGCTGTATTAACAGTTACAGTGTGGGTAA	6061
QY	5520	TAAACAACCAAGTTTACCGATCCACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGTGGGCAATTAACATCAC	5579
Db	6062	TAAACAACCAAGTTTACCGATCCACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGTGGGCAATTAACATCAC	6121
QY	5580	CGTGTACCGAAAGTAAGTACGTGGTGTCCCTTAGTGTCAAACTGTGCCATTCAGTGCAGGCAACA	5638
Db	6122	CGTGTACCGAAAGTAAGTACGTGGTGTCCCTTAGTGTCAAACTGTGCCATTCAGTGCAGGCAACA	6181
QY	5640	CGCAGCGACACAAGCCAAAAAATCTCAGCGCACAGCAGGTACACACACACAGCAGAGTGC	5699
Db	6182	CGCAGCGACACAAGCCAAAAAATCTCAGCGCACAGCAGGTACACACACACAGCAGAGTGC	6241
QY	5700	AACCGGTACCGGTTAAAGGCTTTTGCTGGACAAACGGCGGTTGGTGCAGTCTCCGTGGGTGC	5759
Db	6242	AACCGGTACCGGTTAAAGGCTTTTGCTGGACAAACGGCGGTTGGTGCAGTCTCCGTGGGTGC	6301
QY	5760	CTCAGGTGCTGGAAGCCCGGTATCCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGTGCATCCACCAACAC	5819
Db	6302	CTCAGGTGCTGGAAGCCCGGTATCCAAAATGTGGCAGCAGGTGAGTGCATCCACCAACAC	6361
QY	5820	CGATGGCGCTCAATAGTGTAGCCAGTTGTACAAAGCCACCCCAACACATTTGCCAACGCAACCA	5879
Db	6362	CGATGGCGCTCAATAGTGTAGCCAGTTGTACAAAGCCACCCCAACACATTTGCCAACGCAACCA	6421
QY	5880	TGAGCTTTGACCATTCGTATCCACCACCAAAAGCAAAATAAGCCCAATGCAAGGATTTTCATCAGC	5938
Db	6422	TGAGCTTTGACCATTCGTATCCACCACCAAAAGCAAAATAAGCCCAATGCAAGGATTTTCATCAGC	6481
QY	5940	GATGGCGATGGCGCTCATGCCACACAGCCCTPACATTTCTGTGCAGATCCATATGTTACCGGGGG	5999
Db	6482	GATGGCGATGGCGCTCATGCCACACAGCCCTPACATTTCTGTGCAGATCCATATGTTACCGGGGG	6541
QY	6000	TATGGCCACCACCAAGGTCACAGTGGCGAGTGGGAGTGTGGAAGCTGTGGATTA	6059
Db	6542	TATGGCCACCACCAAGGTCACAGTGGCGAGTGGGAGTGTGGAAGCTGTGGATTA	6601
QY	6060	TGCTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTTCAGCCGATACCCAAAGGCATGTAGGGCGGC	6119
Db	6602	TGCTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTTCAGCCGATACCCAAAGGCATGTAGGGCGGC	6661
QY	6120	AGTTGGTGCAGGTTTTCACTTT	6141
Db	6662	AGTTGGTGCAGGTTTTCACTTT	6683
RESULT 3			
US-08-621-944A-1			
: Sequence 1, Application US/08621944A			
: Patent No. 6440425			
: GENERAL INFORMATION:			
: APPLICANT: SASAKI, Ken			
: APPLICANT: HARKNESS, Robin E.			
: APPLICANT: LOOSMORE, Sheena M.			
: APPLICANT: KLEIN, Michel H.			
: TITLE OF INVENTION: HIGH MOLECULAR WEIGHT MAJOR OUTER			
: TITLE OF INVENTION: MEMBRANE PROTEIN OF MORAXELLA			
: NUMBER OF SEQUENCES: 10			
: CORRESPONDENCE ADDRESS:			
: ADDRESSEE: Sim & McBurney			
: STREET: Suite 701, 330 University Avenue			
: City: Toronto			
: STATE: Ontario			
: COUNTRY: Canada			
: ZIP: M5G 1R7			
: COMPUTER READABLE FORM:			
: MEDIUM TYPE: Floppy disk			
: COMPUTER: IBM PC compatible			
: OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS			
: SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30			
: CURRENT APPLICATION DATA:			

QY 1740 CAATGTTACCGCCCACTTACACATTTGGCGTGAAACCACCGAGCTTAAACGATGG 1799
 |||||
 Db 2282 CATGTTACCGCCCACTTACACATTTGGCGTGAAACCACCGAGCTTAAACGATGG 2341
 |||||
 QY 1800 CACTAGTGAATTAATTAAGTGTAAAGGTAGTGTACGAAACAATAGCTTAATACCGCGA 1859
 |||||
 Db 2342 CACTAGTGAATTAATTAAGTGTAAAGGTAGTGTACGAAACAATAGCTTAATACCGCGA 2401
 |||||
 QY 1860 ACATTTGGGAGGATATCTAATTAAGTGAATGCAATGCAAGCGGTGACAGTGTCTACAAAGCTT 1919
 |||||
 Db 2402 ACATTTGGGAGGATATCTAATTAAGTGAATGCAATGCAAGCGGTGACAGTGTCTACAAAGCTT 2461
 |||||
 QY 1920 TACCGTTAAAGAAGAGAGAGATGATGACGCCAAGCTATACCGGTCTAAAGATAGAC 1979
 |||||
 Db 2462 TACCGTTAAAGAAGAGAGATGATGACGCCAAGCTATACCGGTCTAAAGATAGAC 2521
 |||||
 QY 1980 AAAAAATGCCGGCGCAGTCAAGCATCTTAAAACTCAAAAGGTAAGAAACGGTCTAACGGTTGC 2039
 |||||
 Db 2522 AAAAAATGCCGGCGCAGTCAAGCATCTTAAAACTCAAAAGGTAAGAAACGGTCTAACGGTTGC 2581
 |||||
 QY 2040 TACCAAAAAAGATGATGAGGTTACCTTTGGGCTTACGCCAAGATAGGGGTCTGACCAATGG 2099
 |||||
 Db 2582 TACCAAAAAAGATGATGAGGTTACCTTTGGGCTTACGCCAAGATAGGGGTCTGACCAATGG 2641
 |||||
 QY 2100 CAAAAGCACCCCTTAACACAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAGAACAAATCCAAAGT 2159
 |||||
 Db 2642 CAAAAGCACCCCTTAACACAGATGGCTTGACTGTTAAAGATACCAAGAACAAATCCAAAGT 2701
 |||||
 QY 2160 CGGTGCTTAATGGCATTTAAATTTACTAATGTGAATGTAGTAATTCAGAGTACTGGCATTTGC 2219
 |||||
 Db 2702 CGGTGCTTAATGGCATTTAAATTTACTAATGTGAATGTAGTAATTCAGAGTACTGGCATTTGC 2761
 |||||
 QY 2220 AATATACCGTCGCGATTACAGAGATATAAATTTGGCTTTGGGTTTCGATGGTCTGACAGTTGA 2279
 |||||
 Db 2762 AATATACCGTCGCGATTACAGAGATATAAATTTGGCTTTGGGTTTCGATGGTCTGACAGTTGA 2821
 |||||
 QY 2280 TACAAACAAACCTTATCTTGATCAAGACAGCTACAAAGTTGGCATTTGAATTAATTAACCA 2339
 |||||
 Db 2822 TACAAACAAACCTTATCTTGATCAAGACAGCTACAAAGTTGGCATTTGAATTAATTAACCA 2881
 |||||
 QY 2340 CACTGGCATTTAAGCAGGTGTGTAAGCCATCACAGGGCTGTCCCAACACTGGCTAGCAT 2399
 |||||
 Db 2882 CACTGGCATTTAAGCAGGTGTGTAAGCCATCACAGGGCTGTCCCAACACTGGCTAGCAT 2941
 |||||
 QY 2400 TGGCGATCAAAAGTAGCGCGCAACATAGAACTGGGCAATACAAATCCAGACAAAGCAAAATC 2459
 |||||
 Db 2942 TGGCGATCAAAAGTAGCGCGCAACATAGAACTGGGCAATACAAATCCAGACAAAGCAAAATC 3001
 |||||
 QY 2460 CAACGCTGCCAGCATTAATGATATATTAAATACAGGCTTTAACTAAAAAATTAATACCA 2519
 |||||
 Db 3002 CAACGCTGCCAGCATTAATGATATATTAAATACAGGCTTTAACTAAAAAATTAATACCA 3061
 |||||
 QY 2520 CCGCATTTGACTTTGTCTCCACTTATAGACATTTGTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC 2579
 |||||
 Db 3062 CCGCATTTGACTTTGTCTCCACTTATAGACATTTGTTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC 3121
 |||||
 QY 2580 CGGCACAGTAACCCATGATACCGCTAAACAACACAGTAAGGTGTATGATGTAATGT 2639
 |||||
 Db 3122 CGGCACAGTAACCCATGATACCGCTAAACAACACAGTAAGGTGTATGATGTAATGT 3181
 |||||
 QY 2640 GGATGATACAAACCTTATCTTAACAGGCACTGATGACAAATTAAGAACTTTGGCTCAAAAC 2699
 |||||
 Db 3182 GGATGATACAAACCTTATCTTAACAGGCACTGATGACAAATTAAGAACTTTGGCTCAAAAC 3241
 |||||
 QY 2700 CACCAACATGACAAAAACAAGTGTATGTAATACAGCAACTTAATTTAATGTTAACTC 2759
 |||||
 Db 3242 CACCAACATGACAAAAACAAGTGTATGTAATACAGCAACTTAATTTAATGTTAACTC 3301
 |||||
 QY 2760 TAGTGAATGAAGATGCTTTGTTAAAGCAAGACATCGCGAAATTTAAACACCCTAGC 2819
 |||||
 Db 3302 TAGTGAATGAAGATGCTTTGTTAAAGCAAGACATCGCGAAATTTAAACACCCTAGC 3361
 |||||
 QY 2820 CAAGGAATTTACACACCAAGGCAAGACAGACACCGCCCTTACAAACCTTTACCGTTAA 2879
 |||||

Db 3362 CAAGGAATTTACACACCAAGGCAACAGACACACCGCCCTTAACAACTTTACCGTTAA 3421
 |||||
 QY 2880 AAAGTATGATGAATTAATTAATGCTGATGACGCCAACGCCATCACCGTGGTCAAAAGAA 2939
 |||||
 Db 3422 AAAGTATGATGAATTAATTAATGCTGATGACGCCAACGCCATCACCGTGGTCAAAAGAA 3481
 |||||
 QY 2940 CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTTAACATCAAGGTAAGGTAAGGTTAATTAATTAAC 2999
 |||||
 Db 3482 CGCAAAATTAATCAAGTCAACACCCCTTAACATCAAGGTAAGGTAAGGTTAATTAATTAAC 3541
 |||||
 QY 3000 CGCAAAAAATGATGATCGGTTACCTTTGGCATTTAACACCAAGGCGTCTTAAAGCCGCGAA 3059
 |||||
 Db 3542 CGCAAAAAATGATGATCGGTTACCTTTGGCATTTAACACCAAGGCGTCTTAAAGCCGCGAA 3601
 |||||
 QY 3060 AAGCACCCCTTAACAGCAGGTGGCTTGTCTATTAAAAACCCCATGCTGTATGCAACAATCCA 3119
 |||||
 Db 3602 AAGCACCCCTTAACAGCAGGTGGCTTGTCTATTAAAAACCCCATGCTGTATGCAACAATCCA 3661
 |||||
 QY 3120 AGTCGGTGTGATGGCGGTGAAGTTTGGCAAGGTTAATTAATGATGTTAGTGGCTGG 3179
 |||||
 Db 3662 AGTCGGTGTGATGGCGGTGAAGTTTGGCAAGGTTAATTAATGATGTTAGTGGCTGG 3721
 |||||
 QY 3180 CATTTGATGCGACAACCTCGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTC 3239
 |||||
 Db 3722 CATTTGATGCGACAACCTCGCATTTACAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGGCTC 3781
 |||||
 QY 3240 ACTTTGATAAAAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGACGGCATTTACAGCAGTGTAAAAAGT 3299
 |||||
 Db 3782 ACTTTGATAAAAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGACGGCATTTACAGCAGTGTAAAAAGT 3841
 |||||
 QY 3300 TACCAACATTCATCAATCAGTGAATGGTCCCAAAACAGCATGATGCTGACAGCGGCAA 3359
 |||||
 Db 3842 TACCAACATTCATCAATCAGTGAATGGTCCCAAAACAGCATGATGCTGACAGCGGCAA 3901
 |||||
 QY 3360 GATTTATGATTTAAAAACCCGAACCTTGAACAAATAATCAGCAGTACTGCCAAACAGCACA 3419
 |||||
 Db 3902 GATTTATGATTTAAAAACCCGAACCTTGAACAAATAATCAGCAGTACTGCCAAACAGCACA 3961
 |||||
 QY 3420 AAACCTTTACAGGAATTTCTCAGTAGAGATGAACAAAGGTAATTAATTAATTAATTAATTA 3479
 |||||
 Db 3962 AAACCTTTACAGGAATTTCTCAGTAGAGATGAACAAAGGTAATTAATTAATTAATTAATTA 4021
 |||||
 QY 3480 CCCTTACTCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCATCACTTTGACAGTGAATA 3539
 |||||
 Db 4022 CCCTTACTCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCATCACTTTGACAGTGAATA 4081
 |||||
 QY 3540 CGGCATTTACCAACCAAGGTAATTAAGGTGTGTGCGGTGTGGGCAATTTGACCAAAACCAAGG 3599
 |||||
 Db 4082 CGGCATTTACCAACCAAGGTAATTAAGGTGTGTGCGGTGTGGGCAATTTGACCAAAACCAAGG 4141
 |||||
 QY 3600 CTTTACACAGCGCTTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3659
 |||||
 Db 4142 CTTTAAACACAGCGCTTAAGCTGACCGTGGTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4201
 |||||
 QY 3660 CCAAAATGATGCAAAATACATCAAGSACTAAGCAACACTGTAGTATGTTACCAATGA 3719
 |||||
 Db 4202 CCAAAATGATGCAAAATACATCAAGSACTAAGCAACACTGTAGTATGTTACCAATGA 4261
 |||||
 QY 3720 TAAAGTAGCGTAGCAGCACAGAACAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 3779
 |||||
 Db 4262 TAAAGTAGCGTAGCAGCACAGAACAGGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4321
 |||||
 QY 3780 TGGCGCCAGATGCTTATGATGCTTAACCGCAGGCTTTAACTGTAAGGCAATGTTGAAGC 3839
 |||||
 Db 4322 TGGCGCCAGATGCTTATGATGCTTAACCGCAGGCTTTAACTGTAAGGCAATGTTGAAGC 4381
 |||||
 QY 3840 GGTGACATTTGTCTCCACTTATGACACCGCTCAACTTTGCGATGGCAATGCCACACCGC 3899
 |||||
 Db 4382 GGTGACATTTGTCTCCACTTATGACACCGCTCAACTTTGCGATGGCAATGCCACACCGC 4441
 |||||
 QY 3900 TAAAGTAGCTTATGATGACACCAAGCAAAACCAAGTAAAGTGTCTATGATGTCAAATGTGA 3959
 |||||

```
Db 4442 TAAGGTGAACCTATGTATGACACAGCAAAACCACTGTAAGTGGTCTTATGATGTCAATGTGGA 4501
Oy 3960 TGATCAACACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAACTTGGCGTTAAAAACACCACATTTGACGAC 4019
Db 4502 TGATCAACACCATTTGAAGTTAAAGATAAAAAACTTGGCGTTAAAAACACCACATTTGACGAC 4561
Oy 4020 TACTGGCAGACAGTGTCTAATAATTTGGCTTAAGCAATCAAGCTACTGGGAGTGGCCTTGT 4079
Db 4562 TACTGGCAGACAGTGTCTAATAATTTGGCTTAAGCAATCAAGCTACTGGGAGTGGCCTTGT 4621
Oy 4080 CAAGGCGACATGATTCGTGTCTCATCTAATACACCTTATCTGGCGACATCCAACTGCCAA 4139
Db 4622 CAAGGCGACATGATTCGTGTCTCATCTAATACACCTTATCTGGCGACATCCAACTGCCAA 4681
Oy 4140 AGGGGCAACCCAGCAGCAACACTCAGCAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTCTAT 4199
Db 4682 AGGGGCAACCCAGCAGCAACACTCAGCAGGCTATGTGATGCTGATGGCAATTAAGTCTAT 4741
Oy 4200 CTATGACATACCGGATTAACAAGTACTATCAAGGCCAAATATGATGGCAGATTGATTAAC 4259
Db 4742 CTATGACATACCGGATTAACAAGTACTATCAAGGCCAAATATGATGGCAGATTGATTAAC 4801
Oy 4260 CAAGAAGTTGGCCAAAGACAAACTGGTCCGCCAAGCCCAACCCAGATGGCAGATTGGC 4319
Db 4802 CAAGAAGTTGGCCAAAGACAAACTGGTCCGCCAAGCCCAACCCAGATGGCAGATTGGC 4861
Oy 4320 TCANAATGATTCATCAATTCAGTCTTTAACAAGACAAAGTAAATGATGATGCAATTAAGA 4379
Db 4862 TCANAATGATTCATCAATTCAGTCTTTAACAAGACAAAGTAAATGATGATGCAATTAAGA 4921
Oy 4380 AGGCATCAATGAAGACACAGCCCTTTGTTAAAGACCTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATTAACA 4439
Db 4922 AGGCATCAATGAAGACACAGCCCTTTGTTAAAGACCTTGAAGAAAGCCGCTTCTGATTAACA 4981
Oy 4440 AACCAAAAACGCCGAGTAACCTGGGTGATTTAAATGCCGTTGCCCAAAACCCGCTGAC 4499
Db 4982 AACCAAAAACGCCGAGTAACCTGGGTGATTTAAATGCCGTTGCCCAAAACCCGCTGAC 5041
Oy 4500 CTTTGCAGGGGATACAGGCGCAACAGGCTAAAAAAGTGGGCGAGACTTTGACATCAAGG 4559
Db 5042 CTTTGCAGGGGATACAGGCGCAACAGGCTAAAAAAGTGGGCGAGACTTTGACATCAAGG 5101
Oy 4560 TGGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTAAACCGATTAATACATCGTGTGGTACAGTACTGA 4619
Db 5102 TGGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTAAACCGATTAATACATCGTGTGGTACAGTACTGA 5161
Oy 4620 TGGCTTACCTGTAACAACTTGGCAAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGGCTTAATGACAGTGG 4679
Db 5162 TGGCTTACCTGTAACAACTTGGCAAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGGCTTAATGACAGTGG 5221
Oy 4680 CACCAAAAATTGATGACAAAGGCGTGTCTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA 4739
Db 5222 CACCAAAAATTGATGACAAAGGCGTGTCTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA 5281
Oy 4740 CACCCTGTCTAAGTGCCTAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCAATCAATGTGGG 4799
Db 5282 CACCCTGTCTAAGTGCCTAATGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTCAATCAATGTGGG 5341
Oy 4800 CAAAGGCAACAAGATACCGGCGCTGCCAATGTACACAGCTTAACCAAGTACGCAACTT 4859
Db 5342 CAAAGGCAACAAGATACCGGCGCTGCCAATGTACACAGCTTAACCAAGTACGCAACTT 5401
Oy 4860 GTTGGGCTCTTGGTAATGCTGTGTAATGATAACGCTGACGGAATGAGTAAACATTTGCCGA 4919
Db 5402 GTTGGGCTCTTGGTAATGCTGTGTAATGATAACGCTGACGGAATGAGTAAACATTTGCCGA 5461
Oy 4920 CATCAAAAAGACCCAAATTCAGTTCATCTTAACCGCAGCTGTCAATCAAAAGAGGAC 4979
Db 5462 CATCAAAAAGACCCAAATTCAGTTCATCTTAACCGCAGCTGTCAATCAAAAGAGGAC 5521
Oy 4980 GGTACTTGGGGTAAAGGTATTAACGATACGCAAAACCTTCCCATGGTGTATACAGT 5039
Db 5522 GGTACTTGGGGTAAAGGTATTAACGATACGCAAAACCTTCCCATGGTGTATACAGT 5581

Oy 5040 GGGCGTGATTAAGACGGCAACGGTAAACGGCGATTTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCA 5099
Db 5582 GGGCGTGATTAAGACGGCAACGGTAAACGGCGATTTTAAGCAATGTTTGGGTCAAAACCA 5641
Oy 5100 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTCCGCACTTATTAACCGCGAGTCAAGCAACTA 5159
Db 5642 AAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTCCGCACTTATTAACCGCGAGTCAAGCAACTA 5701
Oy 5160 TTTGACCAACAACCCCGAGAAAGCCATTGACAGAAATTAATAACAGGTATCCGCTCTT 5219
Db 5702 TTTGACCAACAACCCCGAGAAAGCCATTGACAGAAATTAATAACAGGTATCCGCTCTT 5761
Oy 5220 CCATGTCACAGTGGCAATCAATCAAGAGCCCTGTGTACAAAGGCGTAAACGCAATTCAGTCAAG 5279
Db 5762 CCATGTCACAGTGGCAATCAATCAAGAGCCCTGTGTACAAAGGCGTAAACGCAATTCAGTCAAG 5821
Oy 5280 TGCTCAGGCAAGCAGTCAAGTGGGATAGTGTTCAGGCGCAAGGCAAGTGTGAAGCCGC 5339
Db 5822 TGCTCAGGCAAGCAGTCAAGTGGGATAGTGTTCAGGCGCAAGGCAAGTGTGTGAAGCCGC 5881
Oy 5340 CGTTGCCATAGGCAAGCAACCCAGGAGGCAACCAATCCATCGCATCGGTGATTAACGC 5399
Db 5882 CGTTGCCATAGGCAAGCAACCCAGGAGGCAACCAATCCATCGCATCGGTGATTAACGC 5941
Oy 5400 ACAAGCCAGGGCGATCAATCCATCGCATCGGTGATTAACGCAGGCAATGTGTGAAGTAAACA 5459
Db 5942 ACAAGCCAGGGCGATCAATCCATCGCATCGGTGATTAACGCAGGCAATGTGTGAAGTAAACA 6001
Oy 5460 CTCTGTGGCATTCGCGGAGCCCAAGGAGCTTTAAAGCTGATTAACGTTACGTTGGGTTAA 5519
Db 6002 CTCTGTGGCATTCGCGGAGCCCAAGGAGCTTTAAAGCTGATTAACGTTACGTTGGGTTAA 6061
Oy 5520 TTAACAACAGTTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGCTTTGGTGTGGCAATTAACATCAC 5579
Db 6062 TTAACAACAGTTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGCTTTGGTGTGGCAATTAACATCAC 6121
Oy 5580 CGTGACCGAAATTAACCTGGTTCCTTACGTTCAAACTCTGCAATCAGTGCAGGACACCA 5639
Db 6122 CGTGACCGAAATTAACCTGGTTCCTTACGTTCAAACTCTGCAATCAGTGCAGGACACCA 6181
Oy 5640 CGCAGGCAACAAGCCAAAAATCTGAGCGGACAGGAGTACCAACACACAGCAGGTGC 5699
Db 6182 CGCAGGCAACAAGCCAAAAATCTGAGCGGACAGGAGTACCAACACACAGCAGGTGC 6241
Oy 5700 AACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGGACAAACGGCGTGGTGGCGTCTCGTGGGTGC 5759
Db 6242 AACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGGACAAACGGCGTGGTGGCGTCTCGTGGGTGC 6301
Oy 5760 CTGAGTGTGAAGCGCGCTTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTGAGTGCACACGAC 5819
Db 6302 CTGAGTGTGAAGCGCGCTTATCCAAATGTGGCAGCAGGTGAGGTGAGTGCACACGAC 6361
Oy 5820 CGATGGGTCATATGTAGGCAAGTGTGACAAAGCCCAAAACCATTTGCCAAGCAACCA 5879
Db 6362 CGATGGGTCATATGTAGGCAAGTGTGACAAAGCCCAAAACCATTTGCCAAGCAACCA 6421
Oy 5880 TGAAGTTGACATCGATTCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGCAGGATTTCAATCAGC 5939
Db 6422 TGAAGTTGACATCGATTCACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGCAGGATTTCAATCAGC 6481
Oy 5940 GATGGGATGGGCTCATGCGACCAAGCTATATCTCTGGCAGATCCATGTTAACGGGGG 5999
Db 6482 GATGGGATGGGCTCATGCGACCAAGCTATATCTCTGGCAGATCCATGTTAACGGGGG 6541
Oy 6000 TATTGGCACCCACAGGTCGAAGTGGTGGCAGTGGGAGTGTGCAAGCTGTCCGATTA 6059
Db 6542 TATTGGCACCCACAGGTCGAAGTGGTGGGAGTGGGAGTGTGCAAGCTGTCCGATTA 6601
Oy 6060 TGGTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTTACGCCGATTAACCAAGGCGCATGTAGGGGCGG 6119
Db 6602 TGGTCAATGGGTATTTAAATCAATGTTTACGCCGATTAACCAAGGCGCATGTAGGGGCGG 6661
```

OY 6120 AGTTGGTCAGGTTTTCACCTT 6141
|||||
Db 6662 AGTTGGTCAGGTTTTCACCTT 6683

RESULT 4
US-08-945-567D-1
: Sequence 1, Application US/08945567D
: Patent No. 6448386
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: SASAKI, Ken
: APPLICANT: HARRNESS, Robin E.
: APPLICANT: LOOSMORE, Sheena M.
: APPLICANT: CHONG, Pele
: APPLICANT: KLEIN, Michel H.
: TITLE OF INVENTION: HIGH MOLECULAR WEIGHT MAJOR OUTER MEMBRANE PROTEIN OF
: FILE REFERENCE: 1038-745 MIS
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/945,567D
: PRIORITY FILING DATE: 1996-04-29
: PRIORITY APPLICATION NUMBER: 08/431,718
: PRIORITY FILING DATE: 1995-05-01
: PRIORITY APPLICATION NUMBER: 08/478,370
: PRIORITY FILING DATE: 1995-06-07
: PRIORITY APPLICATION NUMBER: 08/621,944
: PRIORITY FILING DATE: 1996-03-26
: PRIORITY APPLICATION NUMBER: PCT/CA96/00264
: PRIORITY FILING DATE: 1996-04-29
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 10
: SOFTWARE: Patent In Ver. 2.1
: SEQ ID NO 1
: LENGTH: 6973
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Moraxella catarrhalis
: FEATURE:
: NAME/KEY: CDS
: LOCATION: (708)..(6683)
US-08-945-567D-1

Query Match 99.8%; Score 6130; DB 4; Length 6973;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 1; Gaps 1;

OY 1 ATGAATCACATCTATTAAGTCACTTTAAACAAGCCACAGACCAATTATGAGCGAGCA 60
|||||
Db 542 ATGAATCACATCTATTAAGTCACTTTAAACAAGCCACAGACCAATTATGAGCGAGCA 601

OY 61 GAGTACGCCAAATCCACACAGCAC -GGGGGGGGGTAGCTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAG 119
|||||
Db 602 GAGTACGCCAAATCCACACAGCACGGGGGGGGGTAGCTGTCTACAGGGCAAGTTGGCAG 661

OY 120 TGTATGCACTCTGAGCTTTGCCGATATGCGCGCTCGCTGCTGTATGGTGCAAC 179
|||||
Db 662 TGTATGCACTCTGAGCTTTGCCGATATGCGCGCTCGCTGCTGTATGGTGCAAC 721

OY 180 GGTCAATGGAGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAATATGCAATTTGGTGACA 239
|||||
Db 722 GGTCAATGGAGCTTATGCTCAAAAAAAGATACCAAATATGCAATTTGGTGACA 781

OY 240 AAACGAGCCAAAGCGTCAAGGCTGCAAGGCGAGCGATGATGAGCAATTTGGTATGG 299
|||||
Db 782 AAACGAGCCAAAGCGTCAAGGCTGCAAGGCGAGCGATGATGAGCAATTTGGTATGG 841

OY 300 TGAATAATGCTAACGACACAGGGGGGTCAAGCCATGCGCATGGTATGATATTAATTA 359
|||||
Db 842 TGAATAATGCTAACGACACAGGGGGGTCAAGCCATGCGCATGGTATGATATTAATTA 901

OY 360 CATGGAAGAGCTTGTGATTAAGATAGTACCGATGCTAGGGGTCAAGATCCATGGCAT 419
|||||
Db 902 CATGGAAGAGCTTGTGATTAAGATAGTACCGATGCTAGGGGTCAAGATCCATGGCAT 961

OY 420 CGGTGATGATTAAGGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATG 479
|||||

Db 962 CGGTGATGATTAAGGCTAGTGGTATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATGCTGATG 1021

OY 480 TTGCTTGCATCAGCATGTGATATCTTAAACATCCGAAGGATCTGTATTAACATCTTAT 539
|||||
Db 1022 TTGCTTGCATCAGCATGTGATATCTTAAACATCCGAAGGATCTGTATTAACATCTTAT 1081

OY 540 TAAAGGCTATGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG 599
|||||
Db 1082 TAAAGGCTATGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAGATTAAG 1141

OY 600 ACCGACACCGCAAGCGGACACCGCATCTGACAGTGGGAGCCATATGATACAGAGG 659
|||||
Db 1142 ACCGACACCGCAAGCGGACACCGCATCTGACAGTGGGAGCCATATGATACAGAGG 1201

OY 660 TCATTTTCCAGAGCCCTTTGGTACAGGGGCAACGCTAAAAGTCCATTTCTTGGCAGT 719
|||||
Db 1202 TCATTTTCCAGAGCCCTTTGGTACAGGGGCAACGCTAAAAGTCCATTTCTTGGCAGT 1261

OY 720 GGGTCTTGGCCGACACGAGGCGCAATGCTATGATGCTATGCTGATGCAACATC 779
|||||
Db 1262 GGGTCTTGGCCGACACGAGGCGCAATGCTATGATGCTATGCTGATGCAACATC 1321

OY 780 TAGCTGTTGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAGTACTGCTCAGCTACAGGCGAGTAT 839
|||||
Db 1322 TAGCTGTTGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAGTACTGCTCAGCTACAGGCGAGTAT 1381

OY 840 TGGCCTTAGTCAAGGTTCTGTGCTCAGAGTGTATTAATTTAGACCGGCTTATC 899
|||||
Db 1382 TGGCCTTAGTCAAGGTTCTGTGCTCAGAGTGTATTAATTTAGACCGGCTTATC 1441

OY 900 ACCAATATCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATGCAAGGCGGCTCC 959
|||||
Db 1442 ACCAATATCCAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATGCAAGGCGGCTCC 1501

OY 960 ACTTTCATTTGATAGTACTCTATCAAGCTTAAATCATATGCTGCTCAGGCTGTAA 1019
|||||
Db 1502 ACTTTCATTTGATAGTACTCTATCAAGCTTAAATCATATGCTGCTCAGGCTGTAA 1561

OY 1020 TAAACCGATGCGGTCAATGTGGCACAGCTAGAAAGCGGTGTGAAGTGGGCTAAGGAGCG 1079
|||||
Db 1562 TAAACCGATGCGGTCAATGTGGCACAGCTAGAAAGCGGTGTGAAGTGGGCTAAGGAGCG 1621

OY 1080 TAGATTAATCTTTCAGGCTGATGATTAACAGTACAGTAAATATAGTTTGGATTAATAC 1139
|||||
Db 1622 TAGATTAATCTTTCAGGCTGATGATTAACAGTACAGTAAATATAGTTTGGATTAATAC 1681

OY 1140 TTTAATCTATTAAGGTGTGTCAGAGCAACGCAATTAACGATTAATATGCTGTGGT 1199
|||||
Db 1682 TTTAATCTATTAAGGTGTGTCAGAGCAACGCAATTAACGATTAATATGCTGTGGT 1741

OY 1200 AAAAGAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGTAACTTTAAACATCTTAC 1259
|||||
Db 1742 AAAAGAGGCTGATTAATAGTGTCTGAAGTTAACTTGTAACTTTAAACATCTTAC 1801

OY 1260 TGAAGTAATACATCACTAATTAATGTCACAAACAGATTAAGTATAGTATAGTAG 1319
|||||
Db 1802 TGAAGTAATACATCACTAATTAATGTCACAAACAGATTAAGTATAGTATAGTAG 1861

OY 1320 TACTACAGCTGAATTAATGATGATTAATTAACCTTAACCGAGCCATACAGGCACTCA 1379
|||||
Db 1862 TACTACAGCTGAATTAATGATGATTAATTAACCTTAACCGAGCCATACAGGCACTCA 1921

OY 1380 AAGCACAAGCAAAACCGTCTATGCGCTTAATGGGGTGAAGTTTCTAATATGCAAGAAC 1439
|||||
Db 1922 AAGCACAAGCAAAACCGTCTATGCGCTTAATGGGGTGAAGTTTCTAATATGCAAGAAC 1981

OY 1440 AACGACGACATGGGCACTCTGATTAATACAGAGATTAATGGCTTGTGTCAGATGG 1499
|||||
Db 1982 AACGACGACATGGGCACTCTGATTAATACAGAGATTAATGGCTTGTGTCAGATGG 2041

OY 1500 TGATGTTGATGAAAAAACAGACCATATTTGGATTAATAAACCTTAAGTGGGTAGTGT 1559
|||||
Db 2042 TGATGTTGATGAAAAAACAGACCATATTTGGATTAATAAACCTTAAGTGGGTAGTGT 2101

Oy	1560	TGCATTTACCATATGACAAATGGCATTGATGACAGTAATATAAAGATCGTAATCTTGGCAA	1619
Db	2102	TGCATTTACCATATGACAAATGGCATTGATGACAGTAATATAAAGATCGTAATCTTGGCAA	2161
Oy	1620	AGGTAGCAGTGTATACGATATGGCTTACCATGCAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCCACTT	1679
Db	2162	AGGTAGCAGTGTATACGATATGGCTTACCATGCAACAGCTCAAAAGCCGCAAGCCACTT	2221
Oy	1680	AAACGACGGCGCTGGCATCAGTGTACACCTTACTAATATACATGTGATCTTAAGATGG	1739
Db	2222	AAACGACGGCGCTGGCATCAGTGTACACCTTACTAATATACATGTGATCTTAAGATGG	2281
Oy	1740	CAATGTTACGGCCCCCAACTTACAACTTGGCGGTGA AAAACCAACGAGCTTAACAGTATGG	1799
Db	2282	CAATGTTACGGCCCCCAACTTACAACTTGGCGGTGA AAAACCAACGAGCTTAACAGTATGG	2341
Oy	1800	CAGTAGTGAATTAATTAGTGTTAAGGGTAGTGCTACAAACAATAGCTTACTTAACCGCGA	1859
Db	2342	CAGTAGTGAATTAATTAGTGTTAAGGGTAGTGCTACAAACAATAGCTTACTTAACCGCGA	2401
Oy	1860	ACATTTGGCAAGCATATCTAATAATGAAGTCAAGTGAACCGGCTGACAGTGCTCTACAAAGCT	1919
Db	2402	ACATTTGGCAAGCATATCTAATAATGAAGTCAAGTGAACCGGCTGACAGTGCTCTACAAAGCT	2461
Oy	1920	TACCGTTAAAGAGAGACGATGATGACGCCAACCGTATCACCGTGGCTAAAGTATAGAC	1979
Db	2462	TACCGTTAAAGAGAGACGATGATGACGCCAACCGTATCACCGTGGCTAAAGTATAGAC	2521
Oy	1980	AAAAAATGGCGCGGCAGTGTACGATCTTAAAACTCAAAAGTAA AAAAGCTCTACAGGTTGC	2039
Db	2522	AAAAAATGGCGCGGCAGTGTACGATCTTAAAACTCAAAAGTAA AAAAGCTCTACAGGTTGC	2581
Oy	2040	TACCAAAAAAGATGTACGGTTACTCTTGGCGCTTACCCAGATATACCGTCTGACCAATTGG	2099
Db	2582	TACCAAAAAAGATGTACGGTTACTCTTGGCGCTTACCCAGATATACCGTCTGACCAATTGG	2641
Oy	2100	CAAAAGCACCTTAACAACAAGATGGCTTGATGTTAAGTATACCAACGAACAACATTCAGT	2159
Db	2642	CAAAAGCACCTTAACAACAAGATGGCTTGATGTTAAGTATACCAACGAACAACATTCAGT	2701
Oy	2160	CGGTGCTAATGGCATTTAAATTTACTAATATGTAATGTAGTAAATTCAGGTAAGCTGATTC	2219
Db	2702	CGGTGCTAATGGCATTTAAATTTACTAATATGTAATGTAGTAAATTCAGGTAAGCTGATTC	2761
Oy	2220	AAATACCGCTGCGATTTACAGAGATTAATATGGCTTGTGGTGTCTGAATGGTGCAGTTGA	2279
Db	2762	AAATACCGCTGCGATTTACAGAGATTAATATGGCTTGTGGTGTCTGAATGGTGCAGTTGA	2821
Oy	2280	TACAAACAACCTTATCTTGTATCAAGCAAGCTTACAAAGTGGCAATGTTAAGATTACCA	2339
Db	2822	TACAAACAACCTTATCTTGTATCAAGCAAGCTTACAAAGTGGCAATGTTAAGATTACCA	2881
Oy	2340	CACGTGCAATTAACGAGGTGTAAAGCCATCACAGGCTGTCCCCAAACACTGCTCAGAT	2399
Db	2882	CACGTGCAATTAACGAGGTGTAAAGCCATCACAGGCTGTCCCCAAACACTGCTCAGAT	2941
Oy	2400	TGGCGATCAAAATACCCGCAACATAGAAGTGGCAATACAAATCAAGACAAAGACAAATC	2459
Db	2942	TGGCGATCAAAATACCCGCAACATAGAAGTGGCAATACAAATCAAGACAAAGACAAATC	3001
Oy	2460	CAACGCTGGCAGCATTAATGATATATTAATTAATACAGGCTTTAACTTA AAAAATATATACAA	2519
Db	3002	CAACGCTGGCAGCATTAATGATATATTAATTAATACAGGCTTTAACTTA AAAAATATATACAA	3061
Oy	2520	CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTAATGACATTTGTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC	2579
Db	3062	CCCCATTGACTTTGTCTCCACTTAATGACATTTGTGACTTTGCCAATGGCAATGCCACAC	3122
Oy	2580	CGGCACAGTATACCATATGATATACGCTTAACAAAACCATTAAGGTATATATATGTGAATGT	2635
Db	3122	CGGCACAGTATACCATATGATATACGCTTAACAAAACCATTAAGGTATATATATGTGAATGT	3181

Qy	2640	GGATGATACACCATTCATCTAACAGGCACGTGATGACATATATAAAACCTGGCGCTCAAAAC	2699
Db	3182	GGATGATACCAACCATTCATCTAACAGGCACGTGATGACATATATAAAACCTGGCGCTCAAAAC	3241
Qy	2700	CACCAAACTGACAAACAAAGAGTGTAAATGATATACACAACTAACTTAAATGTTAACTC	2759
Db	3242	CACCAAACTGACAAACAAAGAGTGTAAATGATATACACAACTAACTTAAATGTTAACTC	3301
Qy	2760	TAGTGTAGTAAGATGCCCTTGTGTTAACGCCAAGACATCGCCGAAATCTTAACACCCCTAGC	2819
Db	3302	TAGTGTAGTAAGATGCCCTTGTGTTAACGCCAAGACATCGCCGAAATCTTAACACCCCTAGC	3361
Qy	2820	CAAGGAATATCCACACCACCAAGGACACAGACACACCGCCCTCAACAACTTTAACCGTTAA	2879
Db	3362	CAAGGAATATCCACACCACCAAGGACACAGACACACCGCCCTCAACAACTTTAACCGTTAA	3421
Qy	2940	CGCAATATATCAAGTCAACACCCCTAACCTCACTCAAAAGGTGAAAGCGGCTTAATATTAAC	2999
Db	3482	CGCAATATATCAAGTCAACACCCCTAACCTCACTCAAAAGGTGAAAGCGGCTTAATATTAAC	3541
Qy	3000	CGACAAAAATGGTAGGTTACCTTTGGCATTTAACACACACAGCGGCTTTAAAGCCGGCAA	3059
Db	3542	CGACAAAAATGGTAGGTTACCTTTGGCATTTAACACACACAGCGGCTTTAAAGCCGGCAA	3601
Qy	3060	AAGCACCCTTAAAGACGGGGGCGGTGTCTATTAAAAACCCACCTGGTAGGAAACAATCCA	3119
Db	3602	AAGCACCCTTAAAGACGGGGGCGGTGTCTATTAAAAACCCACCTGGTAGGAAACAATCCA	3661
Qy	3120	AGTCGGTGCTGATGGCGTGAAGTTGCCAAGGTTAATATATGTTGTGTAGTGTCTGG	3179
Db	3662	AGTCGGTGCTGATGGCGTGAAGTTGCCAAGGTTAATATATGTTGTGTAGTGTCTGG	3721
Qy	3180	CATTGATGGCAACATCTGCATTTACACAGATGTAATTTGGCTTACGTGGGACATAAGGCTC	3239
Db	3722	CATTGATGGCAACATCTGCATTTACACAGATGTAATTTGGCTTACGTGGGACATAAGGCTC	3781
Qy	3240	ACTTGATTAAGAAAGAACCCCACTTAAGCAAAAGACGGCATTTAACGACAGGTGTAATAAGAT	3299
Db	3782	ACTTGATTAAGAAAGAACCCCACTTAAGCAAAAGACGGCATTTAACGACAGGTGTAATAAGAT	3841
Qy	3300	TACCACATTTCAATCAGGTGATGATTTGCCCAAACACGCGATGATGCTGTGACAGCGGGCAA	3359
Db	3842	TACCACATTTCAATCAGGTGATGATTTGCCCAAACACGCGATGATGCTGTGACAGCGGGCAA	3901
Qy	3360	GATTATGATTTTAAACCCGAACTTGAACAAATCAGCAGTACTGCGCAAAACAGCACACA	3419
Db	3902	GATTATGATTTTAAACCCGAACTTGAACAAATCAGCAGTACTGCGCAAAACAGCACACA	3961
Qy	3420	AAACTCATTCACGAATTTCTAGTAGCAGATGAACAAGTAATACCTTTACGGTTAGTAA	3479
Db	3962	AAACTCATTCACGAATTTCTAGTAGCAGATGAACAAGTAATACCTTTACGGTTAGTAA	4021
Qy	3480	CCCTTACTCCAGTATATGACACCTCAAAAGACCTCGATGTCATCACTTTACAGGTGAAAA	3539
Db	4022	CCCTTACTCCAGTATATGACACCTCAAAAGACCTCGATGTCATCACTTTACAGGTGAAAA	4081
Qy	3540	CGGCAATTACACCAAGGTAAATTAAGGTGTGTGCGGTGTGGCACTTGACCAACCAAGG	3599
Db	4082	CGGCAATTACACCAAGGTAAATTAAGGTGTGTGCGGTGTGGCACTTGACCAACCAAGG	4141
Qy	3600	CTTAACACACGGCTTAAGCTGACCGGTGGGTAAATTAATTAAGGCAAAAGCAATGTCAATTGACAG	3659
Db	4142	CTTAACACACGGCTTAAGCTGACCGGTGGGTAAATTAATTAAGGCAAAAGCAATGTCAATTGACAG	4201
Qy	3660	CCAAAATGTCAAAATACCATTCACAGAGCTAAGCAACACTCTAGCTATATGTTTACCAATGA	3719
Db	4202	CCAAAATGTCAAAATACCATTCACAGAGCTAAGCAACACTCTAGCTATATGTTTACCAATGA	4261
Qy	3720	TAAAGTGTAGCTAGCACACCAAGACAGGCAATATTAATCAAAAGCAAGCAAAACCCG	3779

Dd	4262	TAAGAGTAGGTACGACCAACAGAGGCAATTAATCAAGACGAACAAAACCG	4321
Oy	3780	TGCGCGCAGCATTTGTTGATTTGCTTAAGCCGACGGCTTTAACTTGCAGGCAATGTGGAAGC	38339
Dd	4322	TGCGCGCAGCATTTGTTGATTTGCTTAAGCCGACGGCTTTAACTTGCAGGCAATGTGGAAGC	4381
Oy	3840	GTTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGCAATGCCACCACCGC	3899
Dd	4382	GGTTGACTTTGTCTCCACTTATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGCAATGCCACCACCGC	4441
Oy	3900	TAAGTAGCCCTATGATATGACCAAGCAAAACCGTAAGTGCTATGTATGTCAATGTGGA	3959
Dd	4442	TAAGTAGCCCTATGATATGACCAAGCAAAACCGTAAGTGCTATGTATGTCAATGTGGA	4501
Oy	3960	TGATATCAACCACTTGAATTTAAAGATAAAAAACTGGCGTAAGAAACACACACTTGAACAG	4019
Dd	4502	TGATATCAACCACTTGAATTTAAAGATAAAAAACTGGCGTAAAAAACACACTTGAACAG	4501
Oy	4020	TACTGGCACAAGTGCTATTAATTAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTACTGGCGATGCGCTGT	4079
Dd	4562	TACTGGCACAAGTGCTATTAATTAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTACTGGCGATGCGCTGT	4621
Oy	4080	CAAGGCCAGTGATTTGCTTTGCTATCTTAAACACCTTATTTGGCGACATTCACAACTGCCAA	4139
Dd	4622	CAAGGCCAGTGATTTGCTTTGCTATCTTAAACACCTTATTTGGCGACATTCACAACTGCCAA	4681
Oy	4140	AGGGGCAAGCCAAAGCGAAACATCAGAGGCTTTGATGTGATGGCAATTAAGTAT	4199
Dd	4662	AGGGGCAAGCCAAAGCGAAACATCAGAGGCTTTGATGTGATGGCAATTAAGTAT	4711
Oy	4200	CTATGACAGTACCGATTAACAAGTACTATACAGCCAAAAATGATGGCACAGTTGATTAAC	4259
Dd	4742	CTATGACAGTACCGATTAACAAGTACTATACAGCCAAAAATGATGGCACAGTTGATTAAC	4801
Oy	4260	CAAAAGAAAGTTGGCCAAAGACAAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCAGATGGACATTGGC	4319
Dd	4802	CAAAAGAAAGTTGGCCAAAGACAAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCAGATGGACATTGGC	4861
Oy	4320	TCAATGAAATGTCAAAATCACTCATTTAAACAAGAACAGTAATGTATGCCAATTAAGAAACA	4379
Dd	4862	TCAATGAAATGTCAAAATCACTCATTTAAACAAGAACAGTAATGTATGCCAATTAAGAAACA	4921
Oy	4380	AGGCATCAATGAAAGACAAAGCCCTTTGTTAAAGGACTTGAAGAAAGCCGCTTGTATTAACA	4439
Dd	4922	AGGCATCAATGAAAGACAAAGCCCTTTGTTAAAGGACTTGAAGAAAGCCGCTTGTATTAACA	4981
Oy	4440	AACCAAAAAGCCGCGACGTAACCTGTGGGTATTTAAATGCGCTTGCCCAACACCGCTAC	4499
Dd	4982	AACCAAAAAGCCGCGACGTAACCTGTGGGTATTTAAATGCGCTTGCCCAACACCGCTAC	5041
Oy	4500	CTTTGGCAGGGGATTCACGCGACAACGGCTAAAAAACHGGGCGAGACTTTGACATCAATAAGG	4559
Dd	5042	CTTTGGCAGGGGATTCACGCGACAACGGCTAAAAAACHGGGCGAGACTTTGACATCAATAAGG	5101
Oy	4560	TGGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTTAACCGATAATACATCGGTGTGGTAGAGAGTACTGA	4619
Dd	5102	TGGGCAAAACAGACACCAATTAAGCTTAACCGATAATACATCGGTGTGGTAGAGAGTACTGA	5161
Oy	4620	TGGGCTTCACTGTCAAACTTGTGCCAAGACCTTAACCAATCTTAAACAGCGTTAATGACAGTGG	4679
Dd	5162	TGGGCTTCACTGTCAAACTTGTGCCAAGACCTTAACCAATCTTAAACAGCGTTAATGACAGTGG	5221
Oy	4680	CACCAAAAATGATATGACAAAGGCGGTCTTTTGTAGACTAAACGGGTCAAGCCAAAGCAAA	4739
Dd	5222	CACCAAAAATGATATGACAAAGGCGGTCTTTTGTAGACTAAACGGGTCAAGCCAAAGCAAA	5281
Oy	4740	CACCCCTGTGTAGTATGCTCAATGAGGCTGAGACCTGGGTGGCAAGTATCAGTAATGTGGG	4799
Dd	5282	CACCCCTGTGTAGTATGCTCAATGAGGCTGAGACCTGGGTGGCAAGTATCAGTAATGTGGG	5341
Oy	4800	CAAAAGCAAAAAGATACGAGACGCTGCGCAATGTATCAACAGTTAAACGAAGTACGCAACTT	4859

Dd	5342	CAAAAGCCAAAAGATACCCAGCGCTGCCAATGTACACAGTTAAACGAATACGCACACTT	5401
Qy	4860	GTTGGGCTCTTGTTAATCTCGTATATGAACGCTGACGGCAATCAGTTAAACATTGCCGA	4919
Dd	5402	GTTGGGCTCTTGTAATCTCGTATATGAATACGCTGACGGCAATCAGTTAAACATTGCCGA	5461
Qy	4920	CATCAAAAAGACCCCAATTCCAGTTCATCATTAACCGCACTGTCAATCAAGCAGGCAC	4979
Dd	5462	CATCAAAAAGACCCCAATTCCAGTTCATCATTAACCGCACTGTCAATCAAGCAGGCAC	5521
Qy	4980	GGTACTTGGGGGTAAAGTATTAACGTAATACCGAAAAAATGGCACTGGGTGTATCAAGT	5039
Dd	5522	GGTACTTGGGGGTAAAGTATTAACGTAATACCGAAAAAATGGCACTGGGTGTATCAAGT	5581
Qy	5040	GGGGGTGGATTAAAGACGGCAACGCTTAACGGCGATTAAACCAATGTTTGGGTCAAAACCCA	5099
Dd	5582	GGGGGTGGATTAAAGACGGCAACGCTTAACGGCGATTAAACCAATGTTTGGGTCAAAACCCA	5641
Qy	5100	AAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCGCCACTTAATACGCCGCAAGTCAAGCCACTA	5158
Dd	5642	AAAAGATGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCGCCACTTAATACGCCGCAAGTCAAGCCACTA	5701
Qy	5160	TTTGAACCAACACCCCGCAGAGCGCATATGACAAATTAATTAAGAAAGATATCCGCTTCT	5219
Dd	5702	TTTGAACCAACACCCCGCAGAGCGCATATGACAAATTAATTAAGAAAGATATCCGCTTCT	5761
Qy	5220	CCATGTCAACAGTGGCAATCAAGAGCTGTGTATCAAGGGCGTAAACGCGATTGACTCAAG	5279
Dd	5762	CCATGTCAACAGTGGCAATCAAGAGCTGTGTATCAAGGGCGTAAACGCGATTGACTCAAG	5821
Qy	5280	TGCCCTCAGGCAAGCAGTCAGTGGCGATAGGTTTCCAGGCCCAAGCAGATGTGAAGCCG	5339
Dd	5822	TGCCCTCAGGCAAGCAGTCAGTGGCGATAGGTTTCCAGGCCCAAGCAGATGTGAAGCCG	5881
Qy	5340	CGTTGGCCATTAGGCAAGCAAAOCCAGAGGCAACCAATCATTCGCCATCGGTATTAACG	5399
Dd	5882	CGTTGGCCATTAGGCAAGCAAAOCCAGAGGCAACCAATCATTCGCCATCGGTATTAACG	5941
Qy	5400	ACAAGCCACGGGCGCATCAATCCAGCCATCGGCTACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAACA	5459
Dd	5942	ACAAGCCACGGGCGCATCAATCCAGCCATCGGCTACAGGCAATGTGTAGCAGGTAAACA	6001
Qy	5460	CTTGTGTCCATCGGCGCAACCCCAAGCACTGTTAAAGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGTAA	5519
Dd	6002	CTTGTGTCCATCGGCGCAACCCCAAGCACTGTTAAAGCTGATTAACAGTTACAGTGTGGTAA	6061
Qy	5520	TAAACACCAAGTTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGTGGCAATTAACATCAC	5579
Dd	6062	TAAACACCAAGTTTACCGATGCGCACTCAAAACCGATGTCTTTGGTGTGGCAATTAACATCAC	6121
Qy	5580	CGTGACCGAAATGAATCTCGGTGGCTTAAGTTCAAACTCGGCATCAGTGCAGGGCAACA	5639
Dd	6122	CGTGACCGAAATGAATCTCGGTGGCTTAAGTTCAAACTCGGCATCAGTGCAGGGCAACA	6181
Qy	5640	CGCAGGGCACACAACCAAAAAATCTGACGGCACAGCAGGTACAAACCACACAGCAGTGC	5699
Dd	6182	CGCAGGGCACACAACCAAAAAATCTGACGGCACAGCAGGTACAAACCACACAGCAGTGC	6241
Qy	5700	AAACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGTGACAAACGCGGCTTGGTGGGCTCCGTGGGTGC	5759
Dd	6242	AAACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGTGACAAACGCGGCTTGGTGGGCTCCGTGGGTGC	6301
Qy	5760	CTCAGGTCTGAAGCGGTATCCAAAAATGGAGAGGGTGAAGGTAGTGGCCACAGGAC	5819
Dd	6302	CTCAGGTCTGAAGCGGTATCCAAAAATGGAGAGGGTGAAGGTAGTGGCCACAGGAC	6361
Qy	5820	CGATTCGGTCAATGTAAGCCAGTTGTCAAAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAACGCAACCA	5879
Dd	6362	CGATTCGGTCAATGTAAGCCAGTTGTCAAAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAACGCAACCA	6421
Qy	5880	TGAGCTTGACCATGTATTCACCAAAAAGAAATTAAGGCCAATGACAGGATTTCTATCAC	5939
Dd	6422	TGAGCTTGACCATGTATTCACCAAAAAGAAATTAAGGCCAATGACAGGATTTCTATCAC	6481

QY 5940 GATGCCGATGGCGTCATCCACAGCCTACATTCCTGGCAGATCATGTTACCGGGG 5999
| | | | |
Db 6482 GATGCCGATGGCGTCATCCACAGCCTACATTCCTGGCAGATCATGTTACCGGGG 6541
| | | | |
QY 6000 TATTGCCACCCACAGCGTCAGAGTGGCGTGGAGCTGTGCAAGCTGTGCGATTA 6059
| | | | |
Db 6542 TATTGCCACCCACAGCGTCAGAGTGGCGTGGAGCTGTGCAAGCTGTGCGATTA 6601
| | | | |
QY 6060 TGGTCAATGGGTATTTAATCAATGTTACGCCGATACCCAGGCGCATGTAGGGGGCG 6119
| | | | |
Db 6602 TGGTCAATGGGTATTTAATCAATGTTACGCCGATACCCAGGCGCATGTAGGGGGCG 6661
| | | | |
QY 6120 AGTTGGTGCAGGTTTTCACCTT 6141
| | | | |
Db 6662 AGTTGGTGCAGGTTTTCACCTT 6683
| | | | |
RESULT 5
US-08-431-718C-1
: Sequence 1, Application US/08431718C
: Patent No. 6335018
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Ken, Sasaki
: APPLICANT: Robin, Harkness E.
: APPLICANT: Loosmore, Sheena M.
: APPLICANT: Klein, Michel H.
: TITLE OF INVENTION: HIGH MOLECULAR WEIGHT MAJOR OUTER MEMBRANE PROTEIN OF
: FILE REFERENCE: 1038-429 MIS
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08431.718C
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 4
: SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
: SEQ ID NO 1
: LENGTH: 6975
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Moraxella catarrhalis
US-08-431-718C-1
Query Match 99.6%; Score 6119; DB 4; Length 6975;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 6141; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 2; Gaps 2;
QY 1 ATGAATCATCTATAAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGGACATTTATGGCAGTGGCA 60
| | | | |
Db 542 ATGAATCATCTATAAAGTCATCTTTAAACAAGCCACAGGACATTTATGGCAGTGGCA 601
| | | | |
QY 61 GAGTACGCCAATCCACACAGC-6GGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAG 119
| | | | |
Db 602 GAGTACGCCAATCCACACAGCAGGGGGGGGTAGCTGTGCTACAGGGCAAGTTGGCAG 661
| | | | |
QY 120 TGTATGCACTGAGACTTGGCCGATTTGGCGCTGCTGCTGCTGATGGGTGCAAC 179
| | | | |
Db 662 TGTATGCACTGAGACTTGGCCGATTTGGCGCTGCTGCTGCTGATGGGTGCAAC 721
| | | | |
QY 180 GCTCAGTGGCAGTGTATTGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTTGTGAACA 239
| | | | |
Db 722 GCTCAGTGGCAGTGTATTGCTCAAAAAAAGATACCAAAATATGCAATTTGTGAACA 781
| | | | |
QY 240 AAACGACGCAAGAGCTGACGACATGCCAAGGCGAGCGGTGATGCAAGCATTTGCTATTGG 299
| | | | |
Db 782 AAACGACGCAAGAGCTGACGACATGCCAAGGCGAGCGGTGATGCAAGCATTTGCTATTGG 841
| | | | |
QY 300 TGAATAATCTAAGCAGCAGGGGCTCAAGCCATGCCATCGGTACTAGTAATAAAGCTGT 359
| | | | |
Db 842 TGAATAATCTAAGCAGCAGGGGCTCAAGCCATGCCATCGGTACTAGTAATAAAGCTGT 901
| | | | |
QY 360 CAATGGAAGCAATTTGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATGGCCAT 419
| | | | |
Db 902 CAATGGAAGCAATTTGATTAAGATAGTACCGATGCTACGGGTCAAGAGTCCATGGCCAT 961
| | | | |
QY 420 CGGTGTGATGTAAAGGCTAGTGTGATGCTTCATGCTCCATCGGTAGTGAATGACTTACA 479
| | | | |

Db 962 CGGTGTGATGTAAAGGCTAGTGTGATGCTTCATGCTCCATCGGTAGTGAATGACTTACA 1021
| | | | |
QY 480 TTTGCTTATCAGCATGTTGATATCCCTAAACATCCGAAAGTACTGCTGATTAACGATCTTAT 539
| | | | |
Db 1022 TTTGCTTATCAGCATGTTGATATCCCTAAACATCCGAAAGTACTGCTGATTAACGATCTTAT 1081
| | | | |
QY 540 TAACGGCATCAGATTTAAAGAAATACGAAGTCAAGAGATATGATGTAATAATATAG 599
| | | | |
Db 1082 TAACGGCATCAGATTTAAAGAAATACGAAGTCAAGAGATATGATGTAATAATATAG 1141
| | | | |
QY 600 ACGCAACCCGACAGGAGACAGCCAGTACTGACATGGGAGCCATGTATATGACACAGG 659
| | | | |
Db 1142 ACGCAACCCGACAGGAGACAGCCAGTACTGACATGGGAGCCATGTATATGACACAGG 1201
| | | | |
QY 660 TCATTTTCCAAAGCCTTTGGTACAGGGGCAACACTAAAGTGCCTTTCCTGGGCACT 719
| | | | |
Db 1202 TCATTTTCCAAAGCCTTTGGTACAGGGGCAACACTAAAGTGCCTTTCCTGGGCACT 1261
| | | | |
QY 720 GGGTCTTCCGCGACAGCCGAGGGCCATCTACATTCGCTATTGGTGTGATGCAACATC 779
| | | | |
Db 1262 GGGTCTTCCGCGACAGCCGAGGGCCATCTACATTCGCTATTGGTGTGATGCAACATC 1321
| | | | |
QY 780 TAGCTGTTGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAGGTACTGCTGCTACGTTACAGGGCAGTAT 839
| | | | |
Db 1322 TAGCTGTTGGAGCGATAGCCCTTGGTGCAGGTACTGCTGCTACGTTACAGGGCAGTAT 1381
| | | | |
QY 840 TGGCCCTAGGTCAAGGTCTGTTGTCAGTACAGGTATATATCTATACAGGGCCCTATAC 899
| | | | |
Db 1382 TGGCCCTAGGTCAAGGTCTGTTGTCAGTACAGGTATATATCTATACAGGGCCCTATAC 1441
| | | | |
QY 900 ACCAATATCCAGGACATAGAACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATAGAAAGCGGCTCC 959
| | | | |
Db 1442 ACCAATATCCAGGACATAGAACCCCAAGTTTCAAGCCACCAATATATAGAAAGCGGCTCC 1501
| | | | |
QY 960 ACTTTCATTTGGTATCTATCAAAACGTAAATTCATCAATGTCGGTGCAGGTGTTAA 1019
| | | | |
Db 1502 ACTTTCATTTGGTATCTATCAAAACGTAAATTCATCAATGTCGGTGCAGGTGTTAA 1561
| | | | |
QY 1020 TAAACCGATGCGGTCAATGTGGCAGACACTAGAAACGGGTGGGAAGTGGGCTAAAGACG 1079
| | | | |
Db 1562 TAAACCGATGCGGTCAATGTGGCAGACACTAGAAACGGGTGGGAAGTGGGCTAAAGACG 1621
| | | | |
QY 1080 TAGAATTAATCTTTCAGGGTATGATTAACAGTACTGACGTAATAATAGTTTGGATTAATC 1139
| | | | |
Db 1622 TAGAATTAATCTTTCAGGGTATGATTAACAGTACTGACGTAATAATAGTTTGGATTAATC 1681
| | | | |
QY 1140 TTTAATCTAATAAGGTGGTGAAGACCAAGCCATTAACCGATTAATATGCGGTGCT 1199
| | | | |
Db 1682 TTTAATCTAATAAGGTGGTGAAGACCAAGCCATTAACCGATTAATATGCGGTGCT 1741
| | | | |
QY 1200 AAAAGAGCTGATTAATAGTGTCTGTAAGTTAACTGCTAAACTTTAAACATCTTAC 1259
| | | | |
Db 1742 AAAAGAGCTGATTAATAGTGTCTGTAAGTTAACTGCTAAACTTTAAACATCTTAC 1801
| | | | |
QY 1260 TGAGGTGAATACACTACATTAATGCAACAACAGTAAAGTATAGTATAGTATAG 1319
| | | | |
Db 1802 TGAGGTGAATACACTACATTAATGCAACAACAGTAAAGTATAGTATAGTATAG 1861
| | | | |
QY 1320 TACTACAGCTGAATTAATGAGTATGTTAACTTACCCAGCCCATATACAGGAGTCA 1379
| | | | |
Db 1862 TACTACAGCTGAATTAATGAGTATGTTAACTTACCCAGCCCATATACAGGAGTCA 1921
| | | | |
QY 1380 AAGCACAAGCAAAACCGCTATGGGCTTAATGGGGTGAAGTTTACTAATATGCAGAAC 1439
| | | | |
Db 1922 AAGCACAAGCAAAACCGCTATGGGCTTAATGGGGTGAAGTTTACTAATATGCAGAAC 1981
| | | | |
QY 1440 AACACAGCAATCGGCACACTACTGATTAACAGAGATAAATTTGCTTGCAGATGG 1499
| | | | |
Db 1982 AACACAGCAATCGGCACACTACTGATTAACAGAGATAAATTTGCTTGCAGATGG 2041
| | | | |
QY 1500 TGATGTTGATGAATAAAGCAACCATATTTGGATTAATAACACTTAAAGTGGTATGCT 1559
| | | | |

D	2042	TGATGTTGATGAAAAACACACACCACCATATTTGGATTAAAAAACACTTAAAGTGGGTAGTGT	2101
O	1560	TGCATTTACCATAGACATAGCATGGCATTTGATGCGAGGTAATTAAGAAAGATCAGTAATCTGCCAA	1619
D	2102	TGCATTTACCATAGACATAGCATGGCATTTGATGCGAGGTAATTAAGAAAGATCAGTAATCTGCCAA	2161
O	1620	AGGTAGCAGATGCTTACGATGCGGTTACCATCGAACAGCTCAAAAGCCGCCAMGCTTACTTT	1679
D	2162	AGGTAGCAGATGCTTACGATGCGGTTACCATCGAACAGCTCAAAAGCCGCCAMGCTTACTTT	2221
O	1680	AAAGCGAGGGCGCTGGGCATTCAGTGTGCACACCTACTGTGAATATCAGTGTGATGCTTAAGAGTGG	1739
D	2222	AAAGCGAGGGCGCTGGGCATTCAGTGTGCACACCTACTGTGAATATCAGTGTGATGCTTAAGAGTGG	2281
O	1740	CAATGTTACCGCCCCCACTTACCAACATTTGGCGTGAAACACCGAGCTTAACAGTAGTAGG	1799
D	2282	CAATGTTACCGCCCCCACTTACCAACATTTGGCGTGAAACACCGAGCTTAAACAGTAGTAGG	2341
O	1800	CAGTAGTGATTAATTTAGTGTTAAGGGTAAAGGTACGAACAATAGCTTAAGTTACCGCGGA	1859
D	2342	CAGTAGTGATTAATTTAGTGTTAAGGGTAAAGGTACGAACAATAGCTTAAGTTACCGCGGA	2401
O	1860	ACATTTGGCAAGCGATCTAAATGAATGCAATGCAACGGCTGACAGCTCTCTACAAGCTT	1919
D	2402	ACATTTGGCAAGCGATCTAAATGAATGCAATGCAACGGCTGACAGCTCTCTACAAGCTT	2461
O	1920	TACCGTTAAAGAAAGAACATGATATGACCGCAACGCTATACCGCGTGAAGATACAC	1979
D	2462	TACCGTTAAAGAAAGAACATGATATGACCGCAACGCTATACCGCGTGAAGATACAC	2521
O	1980	AAAAAATGCGGCGCAGTACGATCTTAAAACTCAAAAGGTAAAAAGGCTTAAACGGTTGC	2039
D	2522	AAAAAATGCGGCGCAGTACGATCTTAAAACTCAAAAGGTAAAAAGGCTTAAACGGTTGC	2581
O	2040	TACCAAAAAAGATGATGATACGTTACCTTTGGGCTTACCGCAAGTACGGCTGTACCATTTGG	2099
D	2582	TACCAAAAAAGATGATGATACGTTACCTTTGGGCTTACCGCAAGTACGGCTGTACCATTTGG	2641
O	2100	CAAAAGACACCTTAACACACATGCGTTGATGTTAAAGTATACCAACGAACAAATCCAGT	2159
D	2642	CAAAAGACACCTTAACACACATGCGTTGATGTTAAAGTATACCAACGAACAAATCCAGT	2701
O	2160	CGGTGCTTAATGGCATTTAAATTTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAGGTACTGGCATTTGC	2219
D	2702	CGGTGCTTAATGGCATTTAAATTTACTAATGTGAATGGTAGTAATCCAGGTACTGGCATTTGC	2761
O	2220	AAATATCGGCTGCGATTACCGAGATATAAATTTGGCTTCTGATGTGGCGAGTTGA	2279
D	2762	AAATATCGGCTGCGATTACCGAGATATAAATTTGGCTTCTGATGTGGCGAGTTGA	2821
O	2280	TACAAACAAACCTTATTTGATATCAAGCAAGGTACACAGTGTGGCATGTTAAGATTACCAA	2339
D	2822	TACAAACAAACCTTATTTGATATCAAGCAAGGTACACAGTGTGGCATGTTAAGATTACCAA	2881
O	2340	CAGTGGCATTTAAGCAGAGTGTAAAGCCATCAACAGGGCTGTCCCAACACTGCGCTAGCAT	2399
D	2882	CAGTGGCATTTAAGCAGAGTGTAAAGCCATCAACAGGGCTGTCCCAACACTGCGCTAGCAT	2941
O	2400	TGCGGATCAAAAGTAGCGCGCAACTAAGACTGGGCAATACATTCACAAGACAAATC	2459
D	2942	TGCGGATCAAAAGTAGCGCGCAACTAAGACTGGGCAATACATTCACAAGACAAATC	3001
O	2460	CAACGCTGCCAGCATTTATATATATTTAAATACAGGCTTTAACCTTAAAAAATTAATACAA	2519
D	3002	CAACGCTGCCAGCATTTATATATATTTAAATACAGGCTTTAACCTTAAAAAATTAATACAA	3061
O	2520	CCCCATTTGACTTTGTCTCCACTTATACAAATTTGTGACTTTGGCAATGGCAATGGCACAC	2579
D	3062	CCCCATTTGACTTTGTCTCCACTTATACAAATTTGTGACTTTGGCAATGGCAATGGCACAC	3121
O	2580	CGCCACAGTAAACCATGATATACCGCTAAACAAACACAGTAAAGTGTATATGATGTGAATGT	2639
D	3122	CGCCACAGTAAACCATGATATACCGCTAAACAAACACAGTAAAGTGTATATGATGTGAATGT	3181

QY	2640	GGATGATTCACACCACTTATATCTATACAGGCACTGATGCACTATAAAAACTTGGGCTCAAAAC	26939
Db	3182	GGATGATTCACCAACCTTATATCTATTAACAGGCACTGATGCACTATAAAAACTTGGGCTCAAAAC	32411
QY	2700	CACCAAACTGAACAAAACAGAGTCTAATGGTAATACAGCACTTAACCTTAAATGTTAACTC	27559
Db	3242	CACCAAACTGAACAAAACAGTCTAATGGTAATACAGCACTTAACCTTAAATGTTAACTC	33011
QY	2760	TAGTGAATGAAGATCCCTTGTTAAGGCCAAAGACATGCGCAAAATCTTAACACCCCTAGC	28191
Db	3302	TAGTGAATGAAGATCCCTTGTTAAGGCCAAAGACATGCGCGAAAAATCTTAACACCCCTAGC	33611
QY	2820	CAAGSAAATTCACACCCACCAAGGCAAGAGACACCGGCTACCAAACTTACACCTTACCGCTTA	28791
Db	3352	CAAGSAAATTCACACCCACCAAGGCAAGAGACACCGGCTACCAAACTTACACCTTACCGCTTA	34211
QY	2880	AAAGGTAGATGAATAATTAATTAATCTGATGACGCGCAACGGCATACCGGTGGGTCAAAAGAA	29391
Db	3422	AAAGGTAGATGAATAATTAATTAATCTGATGACGCGCAACGGCATACCGGTGGGTCAAAAGAA	34811
QY	2940	CGCAAAATATATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAAAGGTGAAAAAGGTCTTAAATTTAAAC	29991
Db	3482	CGCAAAATATATCAAGTCAACACCCCTAACACTCAAAAGGTGAAAAAGGTCTTAAATTTAAAC	35411
QY	3000	CGCAAAAAATGATGCGGTTCCTTTGGCATTAAACACACACACGCGCTTAAAGCGCGCAA	30591
Db	3542	CGCAAAAAATGATGCGGTTCCTTTGGCATTAAACACACACACGCGCTTAAAGCGCGCAA	36011
QY	3060	AAGCACCTTAACGAGCGGTGGCTTGTCTATTAATAAAACCCCACTGGTAGCAACAATATCA	31191
Db	3602	AAGCACCTTAACGAGCGGTGGCTTGTCTATTAATAAAACCCCACTGGTAGCAACAATATCA	36611
QY	3120	AGTGGGTCGTAGATGGCTGTAAGTTTGCACAAAGTTAATTAATGGTGTGTAAGTGCTGG	31791
Db	3662	AGTGGGTCGTAGATGGCTGTAAGTTTGCACAAAGTTAATTAATGGTGTGTAAGTGCTGG	37211
QY	3180	CATTGATGGCACAACCTGCACTTACACAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGCTC	32391
Db	3722	CATTGATGGCACAACCTGCACTTACACAGAGATGAATTTGGCTTTACTGGGACTAATGCTC	37811
QY	3240	ACTGTATTAATAAAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGCGGCATTACGCAAGGTGTAAAAAAT	32991
Db	3782	ACTGTATTAATAAAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGCGGCATTACGCAAGGTGTAAAAAAT	38411
QY	3300	TACCAACATTCATCAATCAGTGAAGATTGCCCAAAAACACCACTGATGCTGTACAGCGCGGAA	33591
Db	3842	TACCAACATTCATCAATCAGTGAAGATTGCCCAAAAACACCACTGATGCTGTACAGCGCGGAA	39011
QY	3360	GATTTATGATTTAAAAACGCACTTGAACAAATAATCAGCACTGCTGCCAAACACGACAA	34191
Db	3902	GATTTATGATTTAAAAACGCACTTGAACAAATAATCAGCACTGCTGCCAAACACGACAA	39611
QY	3420	AAATCTATTTACAGCAATTTCTCAGTAGAGATGAACAAAGTAACTTAACCTTACGGTTAGTAA	34791
Db	3962	AAATCTATTTACAGCAATTTCTCAGTAGAGATGAACAAAGTAACTTAACCTTACGGTTAGTAA	40211
QY	3480	CCCTTACTCCAGTTTATGACACGCTCAAAAGACCTTGATGTCACTACCTTTGACAGGTGAAAA	35391
Db	4022	CCCTTACTCCAGTTTATGACACGCTCAAAAGACCTTGATGTCACTACCTTTGACAGGTGAAAA	40811
QY	3540	CGGATTTATACCAACAGGTAAATTAAGGTGGTGGGTGGGCACTTGGACCAAAACCAAGG	35991
Db	4082	CGGATTTATACCAACAGGTAAATTAAGGTGGTGGGTGGGCACTTGGACCAAAACCAAGG	41411
QY	3600	CTTATACACGCTTAAGCTGAACCGTGGGTATATATATATGCAAAAGGCATTGTTCATTGACAG	36591
Db	4142	CTTATACACGCTTAAGCTGAACCGTGGGTATATATATATGCAAAAGGCATTGTTCATTGACAG	42011
QY	3660	CCAAATATGCTCAAAATATCATCTACAGGACTTAAGCAACACTTACTAGTAAATGTTACCATATGA	37191
Db	4202	CCAAATATGCTCAAAATATCATCTACAGGACTTAAGCAACACTTACTAGTAAATGTTACCATATGA	42611

QY	3720	TAAAGTAGCGTACGCACCAACAGAGGCAATATATCAAAAGCAAGACAAACCCG	3779
Db	4262	TAAAGTAGCGTACGCACCAACAGAGGCAATATATCAAAAGCAAGACAAACCCG	4321
QY	3780	TGCCGCAGCATTTGGTATGTGCTAAGCCAGCTTTAACTTGCAAAGCAATGGTGAAGC	3839
Db	4322	TGCCGCAGCATTTGGTATGTGCTAAGCCAGCTTTAACTTGCAAAGCAATGGTGAAGC	4381
QY	3840	GGTTGACTTTGTCTCCACTTATATACACCGTCAACTTTGGCGATGGCAATGGCACACCACCG	3899
Db	4382	GGTTGACTTTGTCTCCACTTATATACACCGTCAACTTTGGCGATGGCAATGGCACACCACCG	4441
QY	3900	TAAAGTACCTATGATGACACAAAGCAAAACAGTAAGTGGTCTATGTATGTCAATGTGA	3959
Db	4442	TAAAGTACCTATGATGACACAAAGCAAAACAGTAAGTGGTCTATGTATGTCAATGTGA	4501
QY	3960	TGATATACACCATTTGAAGTTAAAGATATAAAACTTTGGCGTAAAAACCCACATTGACCAG	4019
Db	4502	TGATATACACCATTTGAAGTTAAAGATATAAAACTTTGGCGTAAAAACCCACATTGACCAG	4561
QY	4020	TACTGGCACAAGGTCTCAATTAATTTTGGCCCAAGCAATCAAGCTACTGGCGATGGCGTTGT	4079
Db	4562	TACTGGCACAAGGTCTCAATTAATTTTGGCCCAAGCAATCAAGCTACTGGCGATGGCGTTGT	4621
QY	4080	CAAGGCCAGTGATATCGTTGCTCATCTATTAACACCTTATCTGGCGACATCCAACTGCCAA	4139
Db	4622	CAAGGCCAGTGATATCGTTGCTCATCTATTAACACCTTATCTGGCGACATCCAACTGCCAA	4681
QY	4140	AGGGGCAAGCCAAAGCCGAAACACCTCAGAGGCTATGTGATGCTGTATGGCAATTAAGTAT	4199
Db	4682	AGGGGCAAGCCAAAGCCGAAACACCTCAGAGGCTATGTGATGCTGTATGGCAATTAAGTAT	4741
QY	4200	CTATGACAGTACCAGTAAACAAGTACTATATCAAGCCAAAAATGATGGCAGAGTTGATAAAC	4259
Db	4742	CTATGACAGTACCAGTAAACAAGTACTATATCAAGCCAAAAATGATGGCAGAGTTGATAAAC	4801
QY	4260	CAAAAGAGTTGCCAAACAAACAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCGAGATGGCACTTGGC	4319
Db	4802	CAAAAGAGTTGCCAAACAAACAACTGGTGGCCCAAGCCCAACCCGAGATGGCACTTGGC	4861
QY	4320	TCAAAATGAATGTCAAAATCAGTCAATTAACAAGAAACAAGTAAATGATGCCAATAAAAACA	4379
Db	4862	TCAAAATGAATGTCAAAATCAGTCAATTAACAAGAAACAAGTAAATGATGCCAATAAAAACA	4921
QY	4380	AGGCATCAATGAAGAACAACGCCCTTTGTTAAAGACTTTGAAAAAGCCGCTTCGATTAACA	4439
Db	4922	AGGCATCAATGAAGAACAACGCCCTTTGTTAAAGACTTTGAAAAAGCCGCTTCGATTAACA	4981
QY	4440	AACCAAAAACGCCGACATACTGTGGGTATTTAAATGGCGTTGGCCAAACACCGCTTAC	4499
Db	4982	AACCAAAAACGCCGACATACTGTGGGTATTTAAATGGCGTTGGCCAAACACCGCTTAC	5041
QY	4500	CTTTTGACAGGGATACAGGCAACAAGGCTAAAAAAGCTGGCGCAGACTTTGACCATCAAAAG	4559
Db	5042	CTTTTGACAGGGATACAGGCAACAAGGCTAAAAAAGCTGGCGCAGACTTTGACCATCAAAAG	5101
QY	4560	TGGGCAAAACAACACCAATAAGCTAAACCGATTAATCAATCTGGGTGGGTAGACAGGTACGA	4619
Db	5102	TGGGCAAAACAACACCAATAAGCTAAACCGATTAATCAATCTGGGTGGGTAGACAGGTACGA	5161
QY	4620	TGGGTTCACTGTCAAACTGTGGCAAAAGACCTTAACCAATCTTAAACAGAGCTTAATGACAGGTG	4679
Db	5162	TGGGTTCACTGTCAAACTGTGGCAAAAGACCTTAACCAATCTTAAACAGAGCTTAATGACAGGTG	5221
QY	4680	CACCAAAATTTGATGACAAAGCGCTGCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA	4739
Db	5222	CACCAAAATTTGATGACAAAGCGCTGCTTTTGTAGACTCAAGCGGTCAAGCCAAAGCAAA	5281
QY	4740	CACCCCTGTGCTAAAGTGCATTTGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTATCAGTAATGTGGG	4799
Db	5282	CACCCCTGTGCTAAAGTGCATTTGGGCTGGACCTGGGTGGCAAGGTATCAGTAATGTGGG	5341
QY	4800	CAAAAGCAAAAGATACCGA-CGCTGCCAATGTACACAGTTAAACGAAGTACCCAACT	4858

Db	5342	CAAAAGCACAAGATATCCGACCGCTGCCAATGTACACAGTAAACGAATACGCAACT	5401
Qy	4859	TGTTGGGCTTTGGTAATGCTGTGTAATGATPACGCTGACGGCANTCAGTAAACATTGGCG	4918
Db	5402	TGTTGGGCTTTGGTAATGCTGTGTAATGATPACGCTGACGGCANTCAGTAAACATTGGCG	5461
Qy	4919	ACATCAAAAAAGAACCCAAATTCAGGTTCACTCATCTAACCGCACTGTCAATCAACAGCA	4978
Db	5462	ACATCAAAAAAGAACCCAAATTCAGGTTCACTCATCTAACCGCACTGTCAATCAACAGCA	5521
Qy	4979	CGGTACTTGGCGGTTAAAGGTAAATPACGATPACGGAAACCTTGCCACTGTGTATACAG	5038
Db	5522	CGGTACTTGGCGGTTAAAGGTAAATPACGATPACGGAAACCTTGCCACTGTGTATACAG	5581
Qy	5039	TGGCGGTGATAAAGACGGCAACGCTPACGGGCAATTTAAGCAATGTGGGTCAAAACC	5098
Db	5582	TGGCGGTGATAAAGACGGCAACGCTPACGGGCAATTTAAGCAATGTGGGTCAAAACC	5641
Qy	5099	AAAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCACCTTATPACGGCGCAGCTGACCAACT	5158
Db	5642	AAAAAGATGGCAGCAAAAAAGCCCTGCTGCACCTTATPACGGCGCAGCTGACCAACT	5701
Qy	5159	ATTATGACCAACAAACCCCGCAGAGCCATTGACAGATTAATGAATACAGPMTCCGTTCT	5218
Db	5702	ATTATGACCAACAAACCCCGCAGAGCCATTGACAGATTAATGAATACAGPMTCCGTTCT	5761
Qy	5219	TGCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGTATACAGGGCGTAAAGGCAATTGACTCA	5278
Db	5762	TGCATGTCAACGATGGCAATCAAGAGCCTGTGTATACAGGGCGTAAAGGCAATTGACTCA	5821
Qy	5279	GTGGCTCAGGCAAGCACTCAGTGTGGCATPAGTTTCCAGGCCAACGGCAANTGTTAAAGCG	5338
Db	5822	GTGGCTCAGGCAAGCACTCAGTGTGGCATPAGTTTCCAGGCCAACGGCAANTGTTAAAGCG	5881
Qy	5339	CCGTTGGCATAGGCAAGCAACACCAGACAGGCAACCAATTCATCGCATCGGTGATTAAG	5398
Db	5882	CCGTTGGCATAGGCAAGCAACACCAGACAGGCAACCAATTCATCGCATCGGTGATTAAG	5941
Qy	5399	CACAAGCCACGGGCGATCATTCATGCGCATCGGCTPACGGCAATGTGTAGAGGTAAG	5458
Db	5942	CACAAGCCACGGGCGATCATTCATGCGCATCGGCTPACGGCAATGTGTAGAGGTAAG	6001
Qy	5459	ACTGTGGCATAGGCGAGCCAAAGCACTGTTAAGGCTATPAAAGTTACAGTGTGGGTA	5518
Db	6002	ACTGTGGCATAGGCGAGCCAAAGCACTGTTAAGGCTATPAAAGTTACAGTGTGGGTA	6061
Qy	5519	ATPACCAACAGTTTACCGATGCCACTCAACGAGTGTCTTTGGTGGGCAATTAACATCA	5578
Db	6062	ATPACCAACAGTTTACCGATGCCACTCAACGAGTGTCTTTGGTGGGCAATTAACATCA	6121
Qy	5579	CCGTGACCGAAAGTAACTCGGTTGCCCTTAGTTTCAAACTCTGCATCACTAGTGCAGCAC	5638
Db	6122	CCGTGACCGAAAGTAACTCGGTTGCCCTTAGTTTCAAACTCTGCATCACTAGTGCAGCAC	6181
Qy	5639	ACGCAGGCACACAGCCAAAAAATCTGACGGCACACAGGTATCAACACACACAGCAGGTG	5698
Db	6182	ACGCAGGCACACAGCCAAAAAATCTGACGGCACACAGGTATCAACACACACAGCAGGTG	6241
Qy	5699	CAACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGTGACAAACGGCGGTTGGTGGGTTCTCCGTGGGTG	5758
Db	6242	CAACCGGTACGGTTAAAGGCTTTGCTGTGACAAACGGCGGTTGGTGGGTTCTCCGTGGGTG	6301
Qy	5759	CCTCAGGTGCTGAACGGCGGTTCCAAATGTGACACAGTGAAGTCACTGTCACACACA	5818
Db	6302	CCTCAGGTGCTGAACGGCGGTTCCAAATGTGACACAGTGAAGTCACTGTCACACACA	6361
Qy	5819	CCGATGCGGTAATGTAGCCAGTTGTACAAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAACGACCA	5878
Db	6362	CCGATGCGGTAATGTAGCCAGTTGTACAAAGCCACCCAAAGCATTTGCCAACGACCA	6421
Qy	5879	ATGACCTTGACCATCTGATCCACCAAAAGCAAAATPAGGCAATGACGAGGATTTGATAG	5938

Db 6422 ATGAGCTTGACCATGATCCACCAAAAGAAATAGCCATGACGAGATTTCATCAG 6481
QY 5939 CGATGGCATGGCGTCACATGCCACAAGCCTACATCTCGGCGATGCCAGTTACGGGG 5998
Db 6482 CGATGGCATGGCGTCACATGCCACAAGCCTACATCTCGGCGATGCCAGTTACGGGG 6541
QY 5999 GTATTGCCACCCACAAGCGTCAAGGTGGCGAGTGGAGCTGTGGAAGCTGTGGATA 6058
Db 6542 GTATTGCCACCCACAAGCGTCAAGGTGGCGAGTGGAGCTGTGGAAGCTGTGGATA 6601
QY 6059 ATGTCATATGGGTATTTAAATCAATGTTTCAGCCGATACCCAGGCCATGTAGGGGGCG 6118
Db 6602 ATGTCATATGGGTATTTAAATCAATGTTTCAGCCGATACCCAGGCCATGTAGGGGGCG 6661
QY 6119 CAGTGTGCGAGGTTTCACTT 6141
Db 6662 CAGTGTGCGAGGTTTCACTT 6684

RESULT 6

US-08-621-944A-2
; Sequence 2, Application US/08621944A
; Patent No. 6440425

; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: SASAKI, Ken
; APPLICANT: HARKNESS, Robin E.
; APPLICANT: LOOSMORE, Sheena M.
; APPLICANT: KLEIN, Michel H.
; TITLE OF INVENTION: HIGH MOLECULAR WEIGHT MAJOR OUTER
; NUMBER OF SEQUENCES: 10
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Sam & McBurney
; STREET: Suite 701, 330 University Avenue
; CITY: Toronto
; STATE: Ontario
; COUNTRY: Canada
; ZIP: M5G 1R7
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; OPERATING SYSTEM: IBM PC compatible
; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/621,944A
; FILING DATE: 26-MAR-1996
; CLASSIFICATION:
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/478,370
; FILING DATE: 07-JUN-1995
; CLASSIFICATION:
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Stewart, Michael I
; REGISTRATION NUMBER: 24,973
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 1038-587
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (416) 595-1155
; TELEFAX: (416) 595-1163
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 2:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 5976 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; US-08-621-944A-2

Query Match 97.3%; Score 5976; DB 4; Length 5976;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 5976; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 166 GTGATCGGTGGCAAGCTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAAACTATAC 225
Db 1 GTGATCGGTGGCAAGCTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAAACTATAC 60

QY 226 GCAATTGGAACAAACAGCCAGCCAGCTCAGGACCTGCCAAGGCGGAGGTGATCGA 285
Db 61 GCAATTGGAACAAACAGCCAGCCAGCTCAGGACCTGCCAAGGCGGAGGTGATCGA 120
QY 286 GCCATTGCTATTGGTGAATAATGCTTAACGACAGGGGCGTCAAGCCATCCCATCGGTAGT 345
Db 121 GCCATTGCTATTGGTGAATAATGCTTAACGACAGGGGCGTCAAGCCATCCCATCGGTAGT 180
QY 346 AGTAATAAATCTGTCAATGGAAGCAAGTGTGATAGATAGTACCGATCTACGGGTCAA 405
Db 181 AGTAATAAATCTGTCAATGGAAGCAAGTGTGATAGATAGTACCGATCTACGGGTCAA 240
QY 406 GAGTCATCGCATCGCTGGTGTATGTAAGGCTAGTGGGTGATGCTTCGATTCGATCGGT 465
Db 241 GAGTCATCGCATCGCTGGTGTATGTAAGGCTAGTGGGTGATGCTTCGATTCGATCGGT 300
QY 466 AGTATGACTTACATTTGCTGTGATGATGATGTAATCTTAACATCCGAAGGTACTGTG 525
Db 301 AGTATGACTTACATTTGCTGTGATGATGATGTAATCTTAACATCCGAAGGTACTGTG 360
QY 526 ATTAACGATCTTATTAACGCGCATGCGATTTAAAGAAATACGAAGTCAAAAGATAT 585
Db 361 ATTAACGATCTTATTAACGCGCATGCGATTTAAAGAAATACGAAGTCAAAAGATAT 420
QY 586 GATGTAATAATATAGACGCAACACCGGACGCGGACGAGTACGTCAGTGGAGGCATG 645
Db 421 GATGTAATAATATAGACGCAACACCGGACGCGGACGAGTACGTCAGTGGAGGCATG 480
QY 646 TCATATGCAACAGGTCATTTTCCAAAGCCTTTGGTATGACAGGGCAACACCTAAAGTGC 705
Db 481 TCATATGCAACAGGTCATTTTCCAAAGCCTTTGGTATGACAGGGCAACACCTAAAGTGC 540
QY 706 TATTCCTTGGCAGTGGGCTTTGCCGACACCGGAGGCCAATCTAATTCCTATTTGTT 765
Db 541 TATTCCTTGGCAGTGGGCTTTGCCGACACCGGAGGCCAATCTAATTCCTATTTGTT 600
QY 766 TCTGATGCAACATCTAGCTCGTTGGGAGGATGATGCTTGGTGGCAGTCTGCTGTCAG 825
Db 601 TCTGATGCAACATCTAGCTCGTTGGGAGGATGATGCTTGGTGGCAGTCTGCTGTCAG 660
QY 826 CTACAGGCGAGTATGCCCTAGGTCAAGTTCGTTGTCTACTCAGATGATATATATTC 885
Db 661 CTACAGGCGAGTATGCCCTAGGTCAAGTTCGTTGTCTACTCAGATGATATATATTC 720
QY 886 AGACGGGCTATACACCAATATACAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCCAATAT 945
Db 721 AGACGGGCTATACACCAATATACAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCCCAATAT 780
QY 946 ACGAAGGCGGTCACATTTCCATTTGTTAGTATCTATCAACGCTAAATCATCATATGTC 1005
Db 781 ACGAAGGCGGTCACATTTCCATTTGTTAGTATCTATCAACGCTAAATCATCATATGTC 840
QY 1006 GGTGAGGTGTTAATAAACCGATGCGGTCAATGTGGCAGAGCTAGAACGGGTGTGAAG 1065
Db 841 GGTGAGGTGTTAATAAACCGATGCGGTCAATGTGGCAGAGCTAGAACGGGTGTGAAG 900
QY 1066 TGGGCTAAGAGCGGTAGATTTACTTTTCAGGGGTGATGATACAGTCTGACGTAATAA 1125
Db 901 TGGGCTAAGAGCGGTAGATTTACTTTTCAGGGGTGATGATACAGTCTGACGTAATAA 960
QY 1126 GGTGATGATATCTTAATCTATTAAGGTGGGAGACCAACCATTAACCGATAT 1185
Db 961 GGTGATGATATCTTAATCTATTAAGGTGGGAGACCAACCATTAACCGATAT 1020
QY 1186 AATATGCGTGTGTTAAAGAGCGCTGATATAGTGTCTGAAGTTAACTTGTCTAAACT 1245
Db 1021 AATATGCGTGTGTTAAAGAGCGCTGATATAGTGTCTGAAGTTAACTTGTCTAAACT 1080
QY 1246 TTTAAACAATCTTACTAGGTGAATTAACCTATTAATGCCCACACACAGTTAAGGTA 1305
Db 1081 TTTAAACAATCTTACTAGGTGAATTAACCTATTAATGCCCACACACAGTTAAGGTA 1140

[illegible]

Db	2221	ACATCGCTACGATTTGCCGATCAAGTAGCGCGAACATATAGAACTGGGCATACATCCAA	2280
Oy	2446	GACAAAGCAAAATCCAAAGCTGCCAGATTAATATATATTAATATACAGCTTTAACCTA	2505
Db	2281	GACAAAGCAAAATCCAAAGCTGCCAGATTAATATATATTAATATACAGGCTTTAACCTA	2340
Oy	2506	AAAAATATTAACAACCCCATTTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTTGACCTAT	2565
Db	2341	AAAAATATTAACAACCCCATTTGACTTTGTCTCCACTTATGACATTTGTTGACCTAT	2400
Oy	2566	GGCAATGCCACCCAGCCACAGTAACCATATATACCGTAAACAAACCAGTAAGTGSTA	2625
Db	2401	GGCAATGCCACCCAGCCACAGTAACCATATATACCGTAAACAAACCAGTAAGTGSTA	2460
Oy	2626	TATGATGTGATGTGGATGATACAAACCCTTATATCAGCAGCAGCTGATGACATTAATAA	2685
Db	2461	TATGATGTGATGTGGATGATACAAACCCTTATATCAGCAGCAGCTGATGACATTAATAA	2520
Oy	2686	CTTGGCGTCAAAACCCCAAACTGAACAAACAAAGTGCTAATGTAATACGACATAC	2745
Db	2521	CTTGGCGTCAAAACCCCAAACTGAACAAACAAAGTGCTAATGTAATACGACATAC	2580
Oy	2746	TTTAAATGTTAACTAGTAGATGAGAAATGCCCTTGTGTAACGCCAAAGACATGGCGAAAT	2805
Db	2581	TTTAAATGTTAACTAGTAGATGAGAAATGCCCTTGTGTAACGCCAAAGACATGGCGAAAT	2640
Oy	2806	CTAAACACCCCTAAGCCAAAGAAATTCACACCAACCAAGGACAGCAGACACCGCCCTCAA	2865
Db	2641	CTAAACACCCCTAAGCCAAAGAAATTCACACCAACCAAGGACAGCAGACACCGCCCTCAA	2700
Oy	2866	ACCTTTACCGTTAAAAAGGTAGATGAATAATATATATGCTGATGACGCCAACGCCATACC	2925
Db	2701	ACCTTTACCGTTAAAAAGGTAGATGAATAATATATATGCTGATGACGCCAACGCCATACC	2760
Oy	2926	GTGGGTCAAAAGAACGCAAAATATATCAAGTCAACACCTTACACTCAAAAGTGAACACGGT	2985
Db	2761	GTGGGTCAAAAGAACGCAAAATATATCAAGTCAACACCTTACACTCAAAAGTGAACACGGT	2820
Oy	2986	CTTAAATATTTAAACCGACAAAAATGTTACGGTACTCTTGGCATTAACACCAAGCGCT	3045
Db	2821	CTTAAATATTTAAACCGACAAAAATGTTACGGTACTCTTGGCATTAACACCAAGCGCT	2880
Oy	3046	CTTAAAGCCGCGAAAGACCCCTTAACAGCAGGTGGCTTGTCTATTTAAACACCCCACTGGT	3105
Db	2881	CTTAAAGCCGCGAAAGACCCCTTAACAGCAGGTGGCTTGTCTATTTAAACACCCCACTGGT	2940
Oy	3106	AGCGAACAAATCCAAGTCGGTCTGATGGCGTGAAGTTTGGCCAGGTTAATATATGCT	3165
Db	2941	AGCGAACAAATCCAAGTCGGTCTGATGGCGTGAAGTTTGGCCAGGTTAATATATGCT	3000
Oy	3166	GTTTGTAGTGTGCGCATTTGATGGCAACATGCGCATTTACACAGAGATGAATGGCTTTACT	3225
Db	3001	GTTTGTAGTGTGCGCATTTGATGGCAACATGCGCATTTACACAGAGATGAATGGCTTTACT	3060
Oy	3226	GGGACTAATAGCTCACTCTTGAATAAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGACGGCATTAAGCA	3285
Db	3061	GGGACTAATAGCTCACTCTTGAATAAAGCAAAACCCCACTTAAGCAAAAGACGGCATTAAGCA	3120
Oy	3286	GGTGTAAAGAATTAACAACATTTCAATCAGTGAATTTGCCCAAAACAGCATATGCT	3345
Db	3121	GGTGTAAAGAATTAACAACATTTCAATCAGTGAATTTGCCCAAAACAGCATATGCT	3180
Oy	3346	GTGACAGGGGGGGAAGTTTATGATTTTAAACCCGAACCTTGAAACAAATATCGCAGTACT	3405
Db	3181	GTGACAGGGGGGGAAGTTTATGATTTTAAACCCGAACCTTGAAACAAATATCGCAGTACT	3240
Oy	3406	GCCAAACAGCAGCAAAACCTATTACAGCAATTTCTAGTAGCAGATGAACAGGTAATAC	3465
Db	3241	GCCAAACAGCAGCAAAACCTATTACAGCAATTTCTAGTAGCAGATGAACAGGTAATAC	3300
Oy	3466	TTTACGGTTAGTACCCCTTACTCGATTTATGACACTCAAAACCTCTGATGTCATCGACC	3525

Db 3301 TTTACGGTTAGTAACTTACTCCAGTTATGACACCTCAAGACCTCTGATGTCATCCACC 3360
QY 3526 TTTGACGTGTAAGGCGATTACCAAGSTAATAAGTGTGGGCGTGGGCGATT 3585
Db 3361 TTTGACGGTGTAAGGCGATTACCAAGSTAATAAGTGTGGGCGTGGGCGATT 3420
QY 3586 GACCAACCAAAAGGCTTAACACGCGCTAAGCTGAGCGTGGGTATAATAATATGCAAAAGC 3645
Db 3421 GACCAACCAAAAGGCTTAACACGCGCTAAGCTGAGCGTGGGTATAATAATATGCAAAAGC 3480
QY 3646 ATTGTCATTGACACCAAAATGCTCAAAATACATCAAGACTAAGCAACTCTAGCT 3705
Db 3481 ATTGTCATTGACACCAAAATGCTCAAAATACATCAAGACTAAGCAACTCTAGCT 3540
QY 3706 AATGTTACCAATGATAAGGTAGCGTACGACACAGAAAGGCGCAATATAACCAAGAC 3765
Db 3541 AATGTTACCAATGATAAGGTAGCGTACGACACAGAAAGGCGCAATATAACCAAGAC 3600
QY 3766 GAAGACAAAACCCGTCGCCGACAGCTTGTGATGCTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAA 3825
Db 3601 GAAGACAAAACCCGTCGCCGACAGCTTGTGATGCTAAGCGCAGGCTTTAACTTGCAA 3660
QY 3826 GGCATATGCTGACGCGGTTGACTTGTCTCCATTATGACACCGTCAACTTGGCGATGCG 3885
Db 3661 GGCATATGCTGACGCGGTTGACTTGTCTCCATTATGACACCGTCAACTTGGCGATGCG 3720
QY 3886 AATGACCAACCGCTTAAGGTAGCTATGATGACACAAAGAAACCGTAAGGTGCTAT 3945
Db 3721 AATGACCAACCGCTTAAGGTAGCTATGATGACACAAAGAAACCGTAAGGTGCTAT 3780
QY 3946 GATGTCATATGATGATATACAACTTGAAGTAAAGATAAAAAATTTGGCGTAAAAACC 4005
Db 3781 GATGTCATATGATGATATACAACTTGAAGTAAAGATAAAAAATTTGGCGTAAAAACC 3840
QY 4006 ACCACATTTGACCGCTACTGCGACAGGTGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGTACT 4065
Db 3841 ACCACATTTGACCGCTACTGCGACAGGTGCTAATTAATTTGCCCTAAGCAATCAAGTACT 3900
QY 4066 GGGGATGCGGTTGTCAAGGCGCAGTATGCTGCTATCAACACTTATGCGGAGC 4125
Db 3901 GGGGATGCGGTTGTCAAGGCGCAGTATGCTGCTATCAACACTTATGCGGAGC 3960
QY 4126 ATCCAAACTGCCAAAGGGGCAAGCCAAAGCAAGCAACTCAGACGGCTATGATGCTGAT 4185
Db 3961 ATCCAAACTGCCAAAGGGGCAAGCCAAAGCAAGCAACTCAGACGGCTATGATGCTGAT 4020
QY 4186 GGCATTAAGGCTCATCTATGACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGCCAAATGATGCG 4245
Db 4021 GGCATTAAGGCTCATCTATGACAGTACCGATTAACAAGTACTATCAAGCCAAATGATGCG 4080
QY 4246 ACAGTTGATTAACCAAGAAAGTTGCCAAAGACAAACTGGTGGCCCAAGGCCAAACCCCA 4305
Db 4081 ACAGTTGATTAACCAAGAAAGTTGCCAAAGACAAACTGGTGGCCCAAGGCCAAACCCCA 4140
QY 4306 GATGGACATTTGGCTCAATATGAATGTCAAATCACTTAAACAAAGAAAGTAAATGAT 4365
Db 4141 GATGGACATTTGGCTCAATATGAATGTCAAATCACTTAAACAAAGAAAGTAAATGAT 4200
QY 4366 GCCAATTAAGCAAGGCGCATTAAGACACGCGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCC 4425
Db 4201 GCCAATTAAGCAAGGCGCATTAAGACACGCGCTTTGTTAAAGACTTGAAGAAAGCC 4260
QY 4426 GCTTCTGATTAACAAACCAAAAGCGCGAGTAACTGTGGGTGATTTAAATGCGGTTGCC 4485
Db 4261 GCTTCTGATTAACAAACCAAAAGCGCGAGTAACTGTGGGTGATTTAAATGCGGTTGCC 4320
QY 4486 CAATACACCGCTGACTTTGACAGGGATACAGCAACGCGCTAAAAAATCGGGGAGACT 4545
Db 4321 CAATACACCGCTGACTTTGACAGGGATACAGCAACGCGCTAAAAAATCGGGGAGACT 4380
QY 4546 TTGACCATCAAAAGGTGGGCAACAGACCAATTAAGCTAAACGATAATTAACATCGGTG 4605
Db 4381 TTGACCATCAAAAGGTGGGCAACAGACCAATTAAGCTAAACGATAATTAACATCGGTG 4440

QY 4606 GTAGCAGTACTGTGGCTTCACGTCAAACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGC 4665
Db 4441 GTAGCAGTACTGTGGCTTCACGTCAAACTTGCCAAAGACCTTAACCAATCTTAACAGC 4500
QY 4666 GTTAATGACAGGTGGCACCAAAATTTGATGACAAAGGCGCTGTCTTTTGTAGACTAAGCGT 4725
Db 4501 GTTAATGACAGGTGGCACCAAAATTTGATGACAAAGGCGCTGTCTTTTGTAGACTAAGCGT 4560
QY 4726 CAAGCCAAAGCAAAACACCCCTGTGCTAAGTCCAAAGTGGCTGGAGCTGGCAAGGTC 4785
Db 4561 CAAGCCAAAGCAAAACACCCCTGTGCTAAGTCCAAAGTGGCTGGAGCTGGCAAGGTC 4620
QY 4786 ATCAGTATGTTGGGCAAAAGGCAAAAAGATACGAGCGCTCCAAATGTACAAGATTAAAC 4845
Db 4621 ATCAGTATGTTGGGCAAAAGGCAAAAAGATACGAGCGCTCCAAATGTACAAGATTAAAC 4680
QY 4846 GAAGTACGCAACTTGTGGCTTGTGTAATGCTGTGTAATGATAACGCTGACGGCAATCAG 4905
Db 4681 GAAGTACGCAACTTGTGGCTTGTGTAATGCTGTGTAATGATAACGCTGACGGCAATCAG 4740
QY 4906 GTAAACATTTGCCGACATCAAAAAGACCCAAATTCAGGTTCAATCATTAACCGCACTGTC 4965
Db 4741 GTAAACATTTGCCGACATCAAAAAGACCCAAATTCAGGTTCAATCATTAACCGCACTGTC 4800
QY 4966 ATCAAGCAGGACCGGTACTTGGCGGTAAAGGTAAATACGATACCGAAAAAATTTGGCACT 5025
Db 4801 ATCAAGCAGGACCGGTACTTGGCGGTAAAGGTAAATACGATACCGAAAAAATTTGGCACT 4860
QY 5026 GGTGTTATTAAGTGGGCGTGTGATTAAGAGCGCAACGCTTAACGCGGATTTAAAGCAATGTT 5085
Db 4861 GGTGTTATTAAGTGGGCGTGTGATTAAGAGCGCAACGCTTAACGCGGATTTAAAGCAATGTT 4920
QY 5086 TGGGTCAAAACCCAAAGAAAGTGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCGCACTTTAAAGCGCGCA 5145
Db 4921 TGGGTCAAAACCCAAAGAAAGTGGCAGCAAAAAGCCCTGCTCGCACTTTAAAGCGCGCA 4980
QY 5146 GGTGAGACCAACTTTTGTGACCAACCAACCGCGACAAACCAATTGACAAATTAATGAACAA 5205
Db 4981 GGTGAGACCAACTTTTGTGACCAACCAACCGCGACAAACCAATTGACAAATTAATGAACAA 5040
QY 5206 GGTATCCGCTTCTTCATGTCACAGATGCGCAATCAAGAGCGCTGTGTAAGGGCGTAAC 5265
Db 5041 GGTATCCGCTTCTTCATGTCACAGATGCGCAATCAAGAGCGCTGTGTAAGGGCGTAAC 5100
QY 5266 GGCATTGACTCAAGTGGCTCAGGTAAGCACTCACTAGTGGCGATAGTTTCCAGGCCAAGGCA 5325
Db 5101 GGCATTGACTCAAGTGGCTCAGGTAAGCACTCACTAGTGGCGATAGTTTCCAGGCCAAGGCA 5160
QY 5326 GATGTAAGACCGCGCTTGGCATGAGCAGCAAAACCCAAAGGCAACCAATCCATCGCC 5385
Db 5161 GATGTAAGACCGCGCTTGGCATGAGCAGCAAAACCCAAAGGCAACCAATCCATCGCC 5220
QY 5386 ATCGGTGATTAACGCAAGGCGACGGGCGATCAATCCATTCGCATCGGTACAGGCAATGTG 5445
Db 5221 ATCGGTGATTAACGCAAGGCGACGGGCGATCAATCCATTCGCATCGGTACAGGCAATGTG 5280
QY 5446 GTAGCAGTAAAGCACTTGGTGGCATGCGGACCAACGACACTGTAAAGGCTGATACAGT 5505
Db 5281 GTAGCAGTAAAGCACTTGGTGGCATGCGGACCAACGACACTGTAAAGGCTGATACAGT 5340
QY 5506 TACAGTGGGTTAATACCAACCAAGTTAACGATGCCACTCAAAACCGATGCTTTGGGTG 5565
Db 5341 TACAGTGGGTTAATACCAACCAAGTTAACGATGCCACTCAAAACCGATGCTTTGGGTG 5400
QY 5566 GGCATTAATCAATACCGCTGACCGAAGTAATCGGTTCCCTTAGGTTAAACTGCGCATC 5625
Db 5401 GGCATTAATCAATACCGCTGACCGAAGTAATCGGTTCCCTTAGGTTAAACTGCGCATC 5460
QY 5626 AGTGACGACACACGAGGCGACCAAGCCAAAAATCTGACGGCACAGGAGTACAAAC 5685
Db 5461 AGTGACGACACACGAGGCGACCAAGCCAAAAATCTGACGGCACAGGAGTACAAAC 5520

[illegible]

QY	2446	GACAAAGCAAAATCCAAACGCTGCCAGCATTATGATATATTTAAATPACAGCGCTTTAACCTA	2503
Db	2281	GACAAAGCAAAATCCAAACGCTGCCAGCATTATGATATATTTAAATPACAGCGCTTTAACCTA	2340
QY	2506	AAAAATATATPACAAACCCCATTTGACTTTGCTCCACTTATGACATTTGTGACTTTGCCAT	2565
Db	2341	AAAAATATATPACAAACCCCATTTGACTTTGCTCCACTTATGACATTTGTGACTTTGCCAT	2400
QY	2566	GGCAATGCGCACACCGCCACAGTAPACCATGATACCGCTTACAAAAACAGTAAAGTGTA	2625
Db	2401	GGCATGCGCACACCGCCACAGTAPACCATGATACCGCTTACAAAAACAGTAAAGTGTA	2460
QY	2626	TATGATGTGATGTGGATGTGATPACACCATTCATCTPACAGGACGTATGACAAATAAAAA	2685
Db	2461	TATGATGTGATGTGGATGTGATPACACCATTCATCTPACAGGACGTATGACAAATAAAAA	2520
QY	2686	CTTGCGCGTCAAAACACACCAACTGAACAAACAAAGTGCTAAATGCTAATPACAGCACTAAC	2745
Db	2521	CTTGCGCGTCAAAACACACCAACTGAACAAACAAAGTGCTAATGCTAATPACAGCACTAAC	2580
QY	2746	TTTAAATGTTAACTCTAGTATGAAGATGCCCTTGTTAACGCCAAAGACATGCCGAAAT	2805
Db	2581	TTTAAATGTTAACTCTAGTATGAAGATGCCCTTGTTAACGCCAAAGACATGCCGAAAT	2640
QY	2806	CTAAACACCCCTPACGCAAGAAATTCACACCACCAAGGACAGCAGACACCGCCCTTACAA	2865
Db	2641	CTAAACACCCCTPACGCAAGAAATTCACACCACCAAGGACAGCAGACACCGCCCTTACAA	2700
QY	2866	ACCTTTACCGTTAAAGAGTATGAATAATATATGCTGATGACGCCACCGCATCAC	2925
Db	2701	ACCTTTACCGTTAAAGAGTATGAATAATATATGCTGATGACGCCACCGCATCAC	2760
QY	2926	GTGGGTCAAAAGAACGCAAAATATCAAGTCAACACCTTAACCTCAAAAGGTGAAGAGGT	2985
Db	2761	GTGGGTCAAAAGAACGCAAAATATCAAGTCAACACCTTAACCTCAAAAGGTGAAGAGGT	2820
QY	2986	CTTAAATATTTAAACCGCAAAAAATGTGATGCGTTAGCTTTGGCATTTAACCCACAAGCGGT	3045
Db	2821	CTTAAATATTTAAACCGCAAAAAATGTGATGCGTTAGCTTTGGCATTTAACCCACAAGCGGT	2880
QY	3046	CTTAAAGCCGGCAAAAGCACCCCTTAACGACAGGTGGCTGTCTATTAAAAACCCCACTGT	3105
Db	2881	CTTAAAGCCGGCAAAAGCACCCCTTAACGACAGGTGGCTGTCTATTAAAAACCCCACTGT	2940
QY	3106	AGCGCAACAAATCCAAAGTCGGGTGATGCGCTTAACGTTGGCCAAAGTTAATTAATAGT	3165
Db	2941	AGCGCAACAAATCCAAAGTCGGGTGATGCGCTTAACGTTGGCCAAAGTTAATTAATAGT	3000
QY	3166	GTTGTAGTGTGCGCATTTGATGGCACAACTCGCATTTACAGAGATGAATAATGGCTTTACT	3225
Db	3001	GTTGTAGTGTGCGCATTTGATGGCACAACTCGCATTTACAGAGATGAATAATGGCTTTACT	3060
QY	3226	GGGACTATGTGCTCACTTGATTTAAAGGAAACCCCACTTAAGAAAGAGCGCATTTAACGA	3285
Db	3061	GGGACTATGTGCTCACTTGATTTAAAGGAAACCCCACTTAAGAAAGAGCGCATTTAACGA	3120
QY	3286	GGTGTAAAAAGATTTACCACATTTCAATCAATGAGTGGAGATTGGCCCAAAACAGCCATGATGCT	3345
Db	3121	GGTGTAAAAAGATTTACCACATTTCAATCAATGAGTGGAGATTGGCCCAAAACAGCCATGATGCT	3180
QY	3346	GTGACAGCGCGCAAGATTTATGATTTAAAAACCGAACTTGAANAACAAATCAGCAGTACT	3405
Db	3181	GTGACAGCGCGCAAGATTTATGATTTAAAAACCGAACTTGAANAACAAATCAGCAGTACT	3240
QY	3406	GCCAAACAGCAAAACCTATTTACAGAGATTTCTAGTACGAGATGAACAAAGGTAAATAC	3465
Db	3241	GCCAAACAGCAAAACCTATTTACAGAGATTTCTAGTACGAGATGAACAAAGGTAAATAC	3300
QY	3466	TTTACGCTTATTAACCTTACTACCGAGTTATGACACCTCAAAAGACCTTGATGTATCATCC	3525
Db	3301	TTTACGCTTATTAACCTTACTACCGAGTTATGACACCTCAAAAGACCTTGATGTATCATCC	3360

QY	3526	TTTGGACG	GTGAA	AAGCGCAT	TATACCA	CAAGGTAA	TAAAGTGG	GGTGGCGCAT	3585
Db	3361	TTTGGACG	GTGAA	AAGCGCAT	TATACCA	CAAGGTAA	TAAAGTGG	GGTGGCGCAT	3420
QY	3586	GACCAACCA	AAAGCGCT	TTAACCA	CGCCTA	AGCTGAC	CGCTGGGT	TAATAATGGCA	3645
Db	3421	GACCAACCA	AAAGCGCT	TTAACCA	CGCCTA	AGCTGAC	CGCTGGGT	TAATAATGGCA	3480
QY	3646	ATTGTCAT	TGACACG	CAAAAT	TGTCAAA	ATACCAT	TCACAG	ACTAATAGCA	3705
Db	3481	ATTGTCAT	TGACACG	CAAAAT	TGTCAAA	ATACCAT	TCACAG	ACTAATAGCA	3540
QY	3706	AATGCTTA	ACCAAT	GATTAAG	AGTACG	CTACGCA	CCACAG	CAAGGCA	3765
Db	3541	AATGCTTA	ACCAAT	GATTAAG	AGTACG	CTACGCA	CCACAG	CAAGGCA	3600
QY	3766	GAAGACAAA	ACCCGTCG	CCGCCAC	AGCATTTG	TGATGTG	CTAAGCGAG	CGCTTAACTTGGCA	3825
Db	3601	GAAGACAAA	ACCCGTCG	CCGCCAC	AGCATTTG	TGATGTG	CTAAGCGAG	CGCTTAACTTGGCA	3660
QY	3826	GGCAAG	GGTGAAC	CGGTTGAC	TTTGTCT	CTCCACT	TATGAC	ACCGTCAACTTTGGCGATGGC	3885
Db	3661	GGCAAG	GGTGAAC	CGGTTGAC	TTTGTCT	CTCCACT	TATGAC	ACCGTCAACTTTGGCGATGGC	3720
QY	3886	AATGCCAC	ACCGCTA	AGTGAC	CTATGAT	GCACAC	AGCAAA	AACCACTAAAGTGCTAAT	3945
Db	3721	AATGCCAC	ACCGCTA	AGTGAC	CTATGAT	GCACAC	AGCAAA	AACCACTAAAGTGCTAAT	3780
QY	3946	GATGTCAT	TAATGGAT	TATCAAC	ACATTGA	AGTTAA	AGATTA	AAAAA	3005
Db	3781	GATGTCAT	TAATGGAT	TATCAAC	ACATTGA	AGTTAA	AGATTA	AAAAA	3840
QY	4006	ACCAACAT	TGACAC	AGTACTG	GCACAG	AGTGCTAT	TAAATTTGG	CCCTAAGCAATCAAGCTACT	4065
Db	3841	ACCAACAT	TGACAC	AGTACTG	GCACAG	AGTGCTAT	TAAATTTGG	CCCTAAGCAATCAAGCTACT	3900
QY	4066	GGCAGTAC	CGGCTTG	TCACAG	GCGCAG	TGATATCG	TGTGCTCAT	CTTAAACACCTTATCTGGCGAC	4125
Db	3901	GGCAGTAC	CGGCTTG	TCACAG	GCGCAG	TGATATCG	TGTGCTCAT	CTTAAACACCTTATCTGGCGAC	3960
QY	4126	ATCCAAAC	TGCCAA	AGGGGCA	AGCCCA	AGGCAAC	CTACAG	CAAGCTTATGTGGATGCTGAT	4185
Db	3961	ATCCAAAC	TGCCAA	AGGGGCA	AGCCCA	AGGCAAC	CTACAG	CAAGCTTATGTGGATGCTGAT	4020
QY	4186	GGCAAT	TAAAGCTAT	CTATGAC	AGTACG	AGTAAACA	AGTATCA	CAAGGCCCAAAATATGATGGC	4245
Db	4021	GGCAAT	TAAAGCTAT	CTATGAC	AGTACG	AGTAAACA	AGTATCA	CAAGGCCCAAAATATGATGGC	4080
QY	4246	ACAGTTGAT	TAAAAAC	CAAGAAG	ATTGCC	CAAGACAA	CTGTGTGCC	CAAGCCCAAAACCCCA	4305
Db	4081	ACAGTTGAT	TAAAAAC	CAAGAAG	ATTGCC	CAAGACAA	CTGTGTGCC	CAAGCCCAAAACCCCA	4140
QY	4306	GATGGC	ACATTTG	GCCTCAAA	TGAATGT	CAATCGTAT	TAAACA	AGAAACAAGTAAATGAT	4365
Db	4141	GATGGC	ACATTTG	GCCTCAAA	TGAATGT	CAATCGTAT	TAAACA	AGAAACAAGTAAATGAT	4200
QY	4366	GCCATTA	AAAAAGCA	AAAGCAT	CAATGA	AGACAC	AGCCTTTG	TTAAGGACCTTGAAAAAGCC	4425
Db	4201	GCCATTA	AAAAAGCA	AAAGCAT	CAATGA	AGACAC	AGCCTTTG	TTAAGGACCTTGAAAAAGCC	4260
QY	4426	GCTTTGAT	TAAACAA	AAACCAAA	ACCGCGCA	AGTAAAC	TGTGGGTGAT	TTTAAATCCGCTTCC	4485
Db	4261	GCTTTGAT	TAAACAA	AAACCAAA	ACCGCGCA	AGTAAAC	TGTGGGTGAT	TTTAAATCCGCTTCC	4320
QY	4486	CAAAAC	ACCGCTGAC	TTTGCAG	GGGGATAC	AGAGCA	CAACGCTT	AAAAA	3005
Db	4321	CAAAAC	ACCGCTGAC	TTTGCAG	GGGGATAC	AGAGCA	CAACGCTT	AAAAA	3880
QY	4546	TTGACCAT	TAAAGGTGG	GCAAAAC	AGACAC	CAATTA	AGCTA	ATTAACATCGGTGTG	4605
Db	4381	TTGACCAT	TAAAGGTGG	GCAAAAC	AGACAC	CAATTA	AGCTA	ATTAACATCGGTGTG	4440
QY	4606	GTAAGCA	GTGACTGAT	GTGGCTCA	CTGTCA	AACTTG	CCAAA	AGACTA	3005
Db	4441	GTAAGCA	GTGACTGAT	GTGGCTCA	CTGTCA	AACTTG	CCAAA	AGACTA	3880

Db	4441	GTACAGCTACTGATGGCTTCTACCTGTCAAACTTGGCCAAAGACCTAAACCAATCTTAACAGC	4500
QY	4666	GTTAATGCAAGTGGCACCCAAAATTGATGACAAAGCGCTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGT	4725
Db	4501	GTTAATGCAGGTGGCACCAAAATTGATGACAAAGCGCTGTCTTTTGTAGACTCAAGCGGT	4560
QY	4726	CAAGCCAAAGCAAAACACCCCTGTCTTAAGTCCAAATGGGTGGACCTGGGTGGCAAGTGC	4785
Db	4561	CAAGCCAAAGCAAAACACCCCTGTCTTAAGTCCAAATGGGTGGACCTGGGTGGCAAGTGC	4620
QY	4786	ATCAGTAATGTGGCCAAAGGCACAAAGATACGACGCTGCCAATGTACACAGTTAAAC	4845
Db	4621	ATCAGTAATGTGGCCAAAGGCACAAAGATACCCACGCTGCCAATGTACAAACAGTTAAAC	4680
QY	4846	GAAGTACCCACTTGTGGGTCTGTGTAACTCGTGTATGTATGTAACGCTGACGGCAATCAG	4905
Db	4681	GAAGTACCCCAACTGTGGGTCTGTGTAACTCGTGTATGTATGTAACGCTGACGGCAATCAG	4740
QY	4906	GTAACCATTTGCCGACATCAAAAAAGACCCAAATTCAGGTTTCATCATCTAACGCACTGTC	4965
Db	4741	GTAACCATTTGCCGACATCAAAAAAGACCCAAATTCAGGTTTCATCATCTAACGCACTGTC	4800
QY	4966	ATCAAGACGACGACGCTACTTGGCGGTAAAGTATTAACGTAATCCGAAAACTTGGCACT	5025
Db	4801	ATCAAGACGACGACGCTACTTGGCGGTAAAGTATTAACGTAATCCGAAAACTTGGCACT	4860
QY	5026	GGTGTATACAAAGTGGGGGTGTGATTAAGACGGCAACGCTAACGGCGATTTAAGCAATGTT	5085
Db	4861	GGTGTATACAAAGTGGGGGTGTGATTAAGACGGCAACGCTAACGGCGATTTAAGCAATGTT	4920
QY	5086	TGGGTCAAAACCCCAAAAAAGATGGCGACAAAAAGCCCTGTCTGCGCACTTAATACCGCGCA	5145
Db	4921	TGGGTCAAAACCCCAAAAAAGATGGCGACAAAAAGCCCTGTCTGCGCACTTAATACCGCGCA	4980
QY	5146	GGTCAGACCAACTATTTTGCACCAACACCCTCCGACGAAGCCATTTGACAGATTAATGACAA	5205
Db	4981	GGTCAGACCAACTATTTTGCACCAACACCCTCCGACGAAGCCATTTGACAGATTAATGACAA	5040
QY	5206	GGTATCCGCTTCTTCATATGTCACAGATGGGCATCAAAAGCCGTGGTCAAGGGCGGTAAAC	5265
Db	5041	GGTATCCGCTTCTTCATATGTCACAGATGGGCATCAAAAGCCGTGGTCAAGGGCGGTAAAC	5100
QY	5266	GGCATTTGACTCAAGTGGCTTCACAGCAAGCACTCAGTGGCATATGTTTCCAGGCCAAGGCA	5325
Db	5101	GGCATTTGACTCAAGTGGCTTCACAGCAAGCACTCAGTGGCATATGTTTCCAGGCCAAGGCA	5160
QY	5326	GATGTGGAAGCCGCTGTGCCATAGGCGACACAAACCAAGCGCAACCAATTCATCGCTCGCC	5385
Db	5161	GATGTGGAAGCCGCTGTGCCATAGGCGACACAAACCAAGCGCAACCAATTCATCGCTCGCC	5220
QY	5386	ATCGGTGATTAAGCCACACAGCCAGGGCGATCATTCATCGCATCGGTACAGGCAATGTG	5445
Db	5221	ATCGGTGATTAAGCCACACAGCCAGGGCGATCATTCATCGCATCGGTACAGGCAATGTG	5280
QY	5446	GTAGCAGGTAAAGCACTGTGTGCATCGGCGACCAAGCACTGTTAAGCTGTATAACGT	5505
Db	5281	GTAGCAGGTAAAGCACTGTGTGCATCGGCGACCAAGCACTGTTAAGCTGTATAACGT	5340
QY	5506	TACAGTGTGGGTAAATAACAACCAAGTTTACCGATGGCACTCAAAACGATGCTTGTGTGTG	5565
Db	5341	TACAGTGTGGGTAAATAACAACCAAGTTTACCGATGGCACTCAAAACGATGCTTGTGTGTG	5400
QY	5566	GGCAATTAACATCAACCGTGACCGCAAGTAACCTCGTTGCTTAAGTTCAAACTCTGCCATC	5625
Db	5401	GGCAATTAACATCAACCGTGACCGCAAGTAACCTCGTTGCTTAAGTTCAAACTCTGCCATC	5460
QY	5626	AGTGACAGGCACACGACGACCAACAAAGCCAAAAATCTGACGGCACAGAGGTAAACAC	5685
Db	5461	AGTGACAGGCACACGACGACCAACAAAGCCAAAAATCTGACGGCACAGAGGTAAACAC	5520
QY	5686	ACCACACAGGTGCAACCGGTAGCGTTAAAGGGCTTGTGTGACAAACGGCGGTTGTGTGCG	5745

Db 5521 ACCACAGCAGTGCACACCGGTACGGTTAAAGCGTTTGTGACAAAGCGCGGTGGTGGC 5580
QY 5746 GTCTCCGGGGGCTCAGTGGCTGTAAGCCCGTATCCAAATGTGGCAGAGGTGAGTC 5805
Db 5581 GTCTCCGGGGGCTCAGTGGCTGTAAGCCCGTATCCAAATGTGGCAGAGGTGAGTC 5640
QY 5806 AGTGCACACGACCGATCGGTCAATGTGTAGCCAGTTGTACAAACCCCAACCAAT 5865
Db 5641 ATGCGACACGACCGATCGGTCAATGTGTAGCCAGTTGTACAAACCCCAACCAAT 5700
QY 5866 GCCAAGCAGCAATGAGCTTGACATGCTATCCACCAAAAGCAAAATAGCCCAATGCA 5925
Db 5701 GCCAAGCAGCAATGAGCTTGACATGCTATCCACCAAAAGCAAAATAGCCCAATGCA 5760
QY 5926 GGGATTTCATGACGATGAGCGATGGCTCATGCGCCACCAAGCTTCTCGCAATGCC 5985
Db 5761 GGGATTTCATGACGATGAGCGATGGCTCATGCGCCACCAAGCTTCTCGCAATGCC 5820
QY 5986 ATGTTACCGGGGGTATTTCCACCCACCAAGCTGCAAGTGGCGTGGAGTGTGC 6045
Db 5821 ATGTTACCGGGGGTATTTCCACCCACCAAGCTGCAAGTGGCGTGGAGTGTGC 5880
QY 6046 AAGCTGTCCGATATGCTCAATGCGTATTTAAATCAATGTTCAAGCCCAATGCC 6105
Db 5881 AAGCTGTCCGATATGCTCAATGCGTATTTAAATCAATGTTCAAGCCCAATGCC 5940
QY 6106 CATGTAGGGGGCGAGTTGGTCAAGTTTCACTTT 6141
Db 5941 CATGTAGGGGGCGAGTTGGTCAAGTTTCACTTT 5976

RESULT 8
US-08-968-685A-9

Sequence 9, Application US/08968685A

Patent No. 6214981

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: TUCKER, KENNETH

APPLICANT: PLOSILA, LAURA

TITLE OF INVENTION: MORAXELLA CATARRHALIS OUTER MEMBRANE

TITLE OF INVENTION: PROTEIN-106 POLYPEPTIDE, GENE SEQUENCE AND USES THEREOF

NUMBER OF SEQUENCES: 21

CORRESPONDENCE ADDRESS:

ADDRESSEE: PENNIE & EDMONDS LLP

STREET: 1155 Avenue of the Americas

CITY: New York

STATE: New York

COUNTRY: USA

ZIP: 10036-2711

COMPUTER READABLE FORM:

MEDIUM TYPE: Floppy disk

OPERATING SYSTEM: IBM PC compatible

SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.30

CURRENT APPLICATION DATA:

APPLICATION NUMBER: US/08/968,685A

FILING DATE: No. 6214981ember 12, 1997

CLASSIFICATION:

ATTORNEY/AGENT INFORMATION:

NAME: Baldwin, Geraldine F.

REGISTRATION NUMBER: 31,232

REFERENCE/DOCKET NUMBER: 7969-060

TELECOMMUNICATION INFORMATION:

TELEPHONE: (212) 790-9090

TELEFAX: (212) 869-8864

TELEX: 66141 PENNIE

INFORMATION FOR SEQ ID NO: 9:

SEQUENCE CHARACTERISTICS:

LENGTH: 9542 base pairs

TYPE: nucleic acid

STRANDEDNESS: single

TOPOLOGY: linear

MOLECULE TYPE: DNA

US-08-968-685A-9

Query Match 63.9%: Score 3924.6: DB 4: Length 9542:
Best Local Similarity 79.5%: Pred No. 0:
Matches 5108: Conservative 0: Mismatches 979: Indels 336: Gaps 26:

QY 1 ATGAATCAGATCTATTAAGTCAATCTTTAAACAAAGCCACAGGCATTTATGCGAGTGGCA 60
Db 218 ATGAATCAGATCTATTAAGTCAATCTTTAAACAAAGCCACAGGCATTTATGCGAGTGGCA 277
QY 61 GAGTACGCCAATATCCACAGCAGCGGGGGGGTGTAGCTGTCTACAGGCAATGTGGCAGT 120
Db 278 GAAATATGCCAATAATCCACAGCAGCGGGGGGGTGTAGCTGTCTACAGGCAATGTGGCAGT 337
QY 121 GTATGAGCTGTAGCTTTGGCCGATTTGGCGGCTGTGCTGCTGATGCGGTGCAAG 180
Db 338 GTACGCACTGTAGCTTTGGCCGATTTGGCGGCTGTGCTGCTGATGCGGTGCAAG 397
QY 181 CTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAATATGCCAATTTGGTGAACA 240
Db 398 CTCAGTGGCAGTGTATGCTCAAAAAAAGATACCAATATGCCAATTTGGTGAACA 439
QY 241 AACACGCCAAGACGCTCAGGCACTGCCAAGCGGAGGTGTATGACCATTTGCTATTGGT 300
Db 440 GACGGGGGAA-----AAGCGGAGCCCAATGCCGCGGTGTAAATCAATGCTATTGGT 493
QY 301 GAAATATGCTAAGCAGCAGGGCGGTCAAGCCATGCGCATGCTGTATATAAATCTGTC 360
Db 494 GATATTGCTAGGCACTTGGCTCTCAATCTATTTGTCTATGCTATGACCAACAATAATGTTCA 553
QY 361 AATGAGAGCAGTTTGGATTAAGATAGGTACCGATGCTACGAGGTCAAGATCCATCGGCATC 420
Db 554 AATTCAAATATATATGCTATATAGGTGCCAAGCCCTCAGATATATAGTCCATCGGCATC 613
QY 421 GGTGTGATGTAAAGCTTACTGTGATGCTCGATTGCTCATTCGTTAGTGTACTTACAT 480
Db 614 GGTGTGATGTATTTGCTTCTGCTCATGCTCATTCATTCGTTAGTGTACTTACAT 673
QY 481 TTGCTTGATCAGATGATGATCTTAACATCCGAAGGTACTGTGATTAAGCTTCTTAT 540
Db 674 TTGAATAAGGAACGCTACGCT-----AATCTCAGAGCTTCTACTTATTTAT 721
QY 541 AACGCCATGCACTATTAAAGAAATA--CGAAGCTCAAGAGATATATGTAATAATAT 597
Db 722 CGCGGACAGAAAGCATTTAAAGCATATATACCACTATGCTGACCTATATCTTCAAAATAT 781
QY 598 AGACGCAACAACGCAAGCGACGCACTGCTAGTGTGGAGCAATGTCATATGCAAG 657
Db 782 AGACGCAACAACGCAAGCGACGCACTGCTAGTGTGGAGCAATGTCATATGCAAG 841
QY 658 GGTCAATTTTCCAAAGCCTTTGTGTACAGGCGCAAGCTAAAGTGCATTCCTTGGCA 717
Db 842 GGTCAATTTTCCAAAGCCTTTGTGTACAGGCGCAAGCTAAAGTGCATTCCTTGGCA 901
QY 718 GTGGGTCTTCCGCGCAGCGCGAAGGCAATCTACATGCTATTTGGTCTGTATGCAACA 777
Db 902 GTGGGTCTTCCGCGCAGCGCGAAGGCAATCTACATGCTATTTGGTCTGTATGCAACA 961
QY 778 TCTAGCTGTTGGAGCAGATAGCCCTTGTGTACAGTGTCTGCTACGAGGCAAGT 837
Db 962 GCTATGCGGTTTTCAGCAGACGCGTGTGGTGAAGTCACTCAATTTGAATTCAGAGT 1021
QY 838 ATTGCCCTAGTCAAGTCTCTGTTGCACCTCAGAGTCAATTAAT-----TCT 885
Db 1022 ATTGCCCTAGTCTTCTCAGTCTTCAAGAGATATATGATTAATTCAGAGCAAT 1081
QY 886 AGACCGGCTATACACCA--AATACCAAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCAC--C 939
Db 1082 GTACGGGCTATACACCAAGTATATACCAAGGCACTAGACCCCAAGTTTCAAGCACCTTC 1141
QY 940 AATAATACGAAGCGGCTCCACTTTCATTTGTAGTA-----ACTGTATCAAA 987
Db 1142 AAGAATGTGCTACGATGATTTTCCATTTGTAATAGTAATGGAATGACAGTATCAGG 1201

Dd	3347	GATATATACCGCTGACACCATCACCTGGGGTAAAGATGCAAAAACCAATCAAGTCAACACC	3406
Qy	2962	CTAACACTCAAAAGTGAAAACGGCTCTTAATATTATTAACCGCAACAAAATGTTACGGTTAC	3021
Dd	3407	CTAAATCTCAAAAGTAAAAACGGCTCTTGATATTTCAAACCAATAAAGATGTACGGTTAC	3466
Qy	3022	TTTGGCTTTAAACACACAAAGCGTCTTAAAGCCGGCAAAAGCAC - - CTAAAGCAGCGT	3078
Dd	3467	TTTTGGCAATTAAACACCCAAACGGCTTTAAAGCCGGCAACAAACCACTCTAAACAACAAT	3526
Qy	3079	GGCTGTCTATTAAAAACCCCACTGGTTACGAACAAATCCAAGTGGGTGATAGGGCGTG	3138
Dd	3527	GGCTGTCTATTAAAAACACCGCTGGTTACGAACAAATCCAAGTGGGTGATAGGGCGTG	3586
Qy	3139	AAGTTGCCACAGGTTAATTAATTAATGTGTTGTAAGTCTGGCATTGATGCAACAATGCG	3198
Dd	3587	AAGTTGCCACAGG - - TAAATAATGTGTTGTAAGTGGCTGGCATTGATGAGCAACAATGCG	3643
Qy	3199	ATTACCAAGAGTGAATTTGGCTTTACTGGGACATAATGGCTCACTGATATAAAGCAAAACC	3258
Dd	3644	ATTACCAAGAGTGAATTTGGCTTTACTGGGACATAATGGCTCACTGATATAAAGCAAAACC	3703
Qy	3259	CACCTAAGCAAAAGACGGCATTAAACGAGGTGGTAAAAAGATTACCAATTTCAATCAAGT	3318
Dd	3704	CACCTAAGCAAAAGACGGCATTAAACGAGGTGGTAAAAAGATTACCAATTTCAATCAAGT	3763
Qy	3319	GAGATTCGCCAAAACAGCCCATGTGATGTGACAGCGGCAACATTTATGATTTAAAAAC	3378
Dd	3764	GAGATTCGCCAAAACACCAATGTGATGTGACAGCGGCAACATTTATGATTTAAAAAC	3823
Qy	3379	GAACCTTAAAAACAAATCAGCAGTACTCTGGCAAAACAGCAACAAACTCTTTACAGAAATTC	3438
Dd	3824	GAACCTTAAAAACAAATCAGCAGTACTCTGGCAAAACAGCAACAAACTCTTTACAGAAATTC	3883
Qy	3439	TCAGTACGAGTGAACAGGTAATTAATCTTACGGTTAGTAACCCCTTACTCCAATTATGAC	3498
Dd	3884	TCAGTACGAGTGAACAGGTAATTAATCTTACGGTTAGTAACCCCTTACTCCAATTATGAC	3943
Qy	3499	ACCTCAAAAGACCTGTGATGTCATCACCTTGGCAGGTGAAGAAAGGATTACCAACAAAGTA	3558
Dd	3944	ACCTCAAAAGACCTGTGATGTCATCACCTTGGCAGGTGAAGAAAGGATTACCAACAAAGTA	4003
Qy	3559	AATAAAGGTGTGCTGTGTGGCATTGACCAAAACCAAAGGCTTAAACACAGCCTTAAGCTG	3618
Dd	4004	AATAAAGGTGTGCTGTGTGGCATTGACCAAAACCAAAGGCTTAAACACAGCCTTAAGCTG	4053
Qy	3619	ACCGGGTATTAATATGGCAAAAGCAATTCATGACAGCCAAATATGTCTAAATATCC	3678
Dd	4064	ACCGGGTATTAATATATGGCAAAAGCAATTCATGACAGCCAAATATGTCTAAATATCC	4123
Qy	3679	ATCACAGGACTTAACCAACTCTAGCTAATGTTTACCAATGATAAAGTATAGCTATGACAC	3738
Dd	4124	ATCACAGGACTTAACCAACTCTAGCTAATGTTTACCAATGATAAAGTATAGCTATGACAC	4183
Qy	3739	ACAAGAACGGGCAATATAATCAAAAGAGAAAGAAACCCCGGCGGCAAGCATTTGTGAT	3788
Dd	4184	ACAAGAACGGGCAAGTATAATCAAAAGAGAAAGAAACCCCGGCGGCAAGCATTTGTGAT	4243
Qy	3799	GTGCTAAGCGCAGGCTTAACTTTGCAAGGCAATAGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACT	3858
Dd	4244	GTGCTAAGCGCAGGCTTAACTTTGCAAGGCAATAGTGAAGCGGTTGACTTTGTCTCCACT	4303
Qy	3859	TATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGCAATGCGACCAACCGCTAAGGTGACTATGATAC	3918
Dd	4304	TATGACACCGTCAACTTTGCCGATGGCAATGCGACCAACCGCTAAGGTGACTATGATAC	4363
Qy	3919	ACAACCAAAACACAGTAAAGTGTCATGATGTCAAATGTGGATGATCAACACTTGAAGT	3978
Dd	4364	ACAACCAAAACACAGTAAAGTGTCATGATGTCAAATGTGGATGATCAACACTTGAAGT	4422
Qy	3979	AAAGATATAAAACTTTGGCGTAAAAAACCCACCAATTGACAGTACTGCGACAGGCTCTAAT	4038
Dd	4424	AAAGATATAAAACTTTGGCGTAAAAAACCCACCAATTGACAGTACTGCGACAGGCTCTAAT	4483

QY	4039	AAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTACTGGCGATGGCTTGTCAAGCCAGTGAATGCTT	4098
Db	4484	AAATTTGCCCTTAAGCAATCAAGCTACTGGCGATGGCTTGTCAAGCCAGTGAATGCTT	4543
QY	4099	GCTCATCTAAACACCTTATCTGGGAGCATCCAAAGTGGCCAAAGGGGCAAGCCACCGAAC	4158
Db	4544	GCTCATCTAAACACCTTATCTGGGAGCATCCAAAGTGGCCAAAGGGGCAAGCCACCGAAC	4603
QY	4159	AACTGAGCAGGCTATGTGGATGGCTGATGGCAATAAAGTCATCTATGACAGTACCGATAAC	4218
Db	4604	AGCTCAGCAGGCTATGTGGATGGCTGATGGCAATAAAGTCATCTATGACAGTACCGATAAC	4653
QY	4219	AAAGTCTATCAAGCCAAAATATGATGGCAGCAGTGGATAAAAACCAAGAAAGTTGCCAAATAC	4278
Db	4664	AAAGTCTATCAAGCCAAAATATGATGGCAGCAGTGGATAAAAACCAAGAAAGTTGCCAAATAC	4723
QY	4279	AAACGTGGCGCCCAAGCCCAACCCCGAGATGGGACATTTGGCTCAAAATGAATGTCCAAATCA	4338
Db	4724	AAACGTGGCGCCCAAGCCCAACCCCGAGATGGGACATTTGGCTCAAAATGAATGTCCAAATCA	4783
QY	4339	GTCATTAAACAAAGAACATGAATGATGCCAATAAAAAGCAAGCATCAATGAAGACAC	4398
Db	4784	GTCATTAAACAAAGAACATGAATGATGCCAATAAAAAGCAAGCATCAATGAAGACAC	4843
QY	4399	GCCTTTGTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTGATATACAAAACCAAAAACGCCCGCAGTA	4458
Db	4844	GCCTTTGTAAAGACTTGAAGAAAGCCGCTTGATATACAAAACCAAAAACGCCCGCAGTA	4903
QY	4459	ACTGTGGGTGATTTAAATGCCGCTGTGCCAAACACCGCTGACCTTTGGCAGGGATACAGGC	4518
Db	4904	ACTGTGGGTGATTTAAATGCCGCTGTGCCAAACACCGCTGACCTTTGGCAGGGATACAGGC	4963
QY	4519	ACAAGCGCTAAAAACCTGGGGAGACTTTACCATTAAGAGTGGGCAACACAGACCAT	4578
Db	4964	ACAAGCGCTAAAAACCTGGGGAGACTTTACCATTAAGAGTGGGCAACACAGACCAT	5023
QY	4579	AAGCTAACCGATTAATTAACATGGGCTGTGTAGCAGTACATGATGGCTTCACTCAAACTT	4638
Db	5024	AAGCTAACCGATTAATTAACATGGGCTGTGTAGCAGTACATGATGGCTTCACTCAAACTT	5083
QY	4639	GCCAAAGACTTAACCAATCTTAAACAGCGTTAATGCAAGTGGCAACAAATATGATACAAA	4698
Db	5084	GCCAAAGACTTAACCAATCTTAAACAGCGTTAATGCAAGTGGCAACAAATATGATACAAA	5143
QY	4699	GGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGGGGTCAAGCCAAAGCAACCCCTGTGTAACTGTC	4758
Db	5144	GGCGTGTCTTTTGTAGACTCAAGGGGTCAAGCCAAAGCAACCCCTGTGTAACTGTC	5203
QY	4759	AATGGGCTGGACTGGGTGGCAAGGTCAATGATATGTGGGCAAGGCAACAAAGATACC	4818
Db	5204	AATGGGCTGGACTGGGTGGCAAGGTCAATGATATGTGGGCAAGGCAACAAAGATACC	5263
QY	4819	GACGCTGCCAATGTATCAACACATTTAAAGAGTACGCAACTTTGGGCTTGGTAACTGT	4878
Db	5264	GACGCTGCCAATGTATCAACACATTTAAAGAGTACGCAACTTTGGGCTTGGTAACTGT	5323
QY	4879	GGTAAATGATTAACGCTGACAGGCAATACAGTAAACATTTGCCACATCAAAAAAGACCAAT	4938
Db	5324	GGTAAATGATTAACGCTGACAGGCAATACAGTAAACATTTGCCACATCAAAAAAGACCAAT	5383
QY	4939	TCAGGTTCACTATCTAACCCGACTGTCACTCAAAAGCAGGCAACGCTACTTGGCGGTAAAGT	4999
Db	5384	TCAGGTTCACTATCTAACCCGACTGTCACTCAAAAGCAGGCAACGCTACTTGGCGGTAAAGT	5443
QY	4999	AATTAACGATACGGAAGAACTTGGCAGCTGGGTGTATTAAGTGGCGCTGTGATTAAGACGC	5058
Db	5444	AATTAACGATACGGAAGAACTTGGCAGCTGGGTGTATTAAGTGGCGCTGTGATTAAGACGC	5503
QY	5059	AACGCTAACGCGGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAGATGGCAGCAAAAA	5118
Db	5504	AACGCTAACGCGGATTTAAGCAATGTTGGGTCAAAACCCAAAGATGGCAGCAAAAA	5563

QY 5119 GCCCTGCTGCGACTTATTAACGCCGAGGTACAGCAACTATTGTGACCAACACCCCGCA 5178
 |||||||
 Db 5564 GCCCTGCTGCGACTTATTAACGCCGAGGTACAGCAACTATTGTGACCAACACCCCGCA 5623
 |||||||
 QY 5179 GAAGCATTTGACAGATAATTAACAGGTATCCCGCTTCTTCCATGTACACCATGGCAAT 5238
 |||||||
 Db 5634 GAAGCATTTGACAGATAATTAACAGGTATCCCGCTTCTTCCATGTACACCATGGCAAT 5683
 |||||||
 QY 5239 CAAGAGCTTGCTGATCAAGAGCGGTAAAGGCATTTGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCACTCA 5298
 |||||||
 Db 5684 CAAGAGCTTGCTGATCAAGAGCGGTAAAGGCATTTGACTCAAGTGCCTCAGGCAAGCACTCA 5743
 |||||||
 QY 5299 GTGGGATAGTTTCCAGGCCAAGGCAGATGGTGAAGCCGCCGTTGCCATAGGACAGCAA 5358
 |||||||
 Db 5744 GTGGGATAGTTTCCAGGCCAAGGCAGATGGTGAAGCCGCCGTTGCCATAGGACAGCAA 5803
 |||||||
 QY 5359 ACCCAAGAGGGAACCAATCCATCGGCATTCGGTATTAACGCCAAGCCACAGCGGCCATCAA 5418
 |||||||
 Db 5804 ACCCAAGAGGGAACCAATCCATCGGCATTCGGTATTAACGCCAAGCCACAGCGGCCATCAA 5863
 |||||||
 QY 5419 TCCATCGCCATCGGTACAGCAATGTGGTAGAGGTAAAGCACTCTGTGCTCGCCATCGCGCAC 5478
 |||||||
 Db 5864 TCCATCGCCATCGGTACAGCAATGTGGTAGAGGTAAAGCACTCTGTGCTCGCCATCGCGCAC 5923
 |||||||
 QY 5479 CCAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGGGTAAATTAACACCAAGTTTACCGAT 5538
 |||||||
 Db 5924 CCAGCACTGTTAAGGCTGATTAACAGTTACAGTGGGTAAATTAACACCAAGTTTACCGAT 5983
 |||||||
 QY 5539 GCCACTCAACCGATGCTTGTGGTGGGCAATAATCACCCTGACCCGAAGTAACTCG 5598
 |||||||
 Db 5984 GCCACTCAACCGATGCTTGTGGTGGGCAATAATCACCCTGACCCGAAGTAACTCG 6043
 |||||||
 QY 5599 GTTGCTTGAAGTTCAAACTGCTGCTAGTCAGTCAGGCACACAGCAGCAGCAACGCCAAA 5658
 |||||||
 Db 6044 GTTGCTTGAAGTTCAAACTGCTGCTAGTCAGTCAGGCACACAGCAGCAGCAACGCCAAA 6103
 |||||||
 QY 5659 AAATCTGACGCGACAGCAGGTACAAACCAACAGCAGGTGCACACCGGTTAAAGGC 5718
 |||||||
 Db 6104 AAATCTGACGCGACAGCAGGTACAAACCAACAGCAGGTGCACACCGGTTAAAGGC 6163
 |||||||
 QY 5719 TTTGCTGACAAAGCGCGTGTGGTGGCTCCGCTGCTCAGGTGCTGAAGCGCGT 5778
 |||||||
 Db 6164 TTTGCTGACAAAGCGCGTGTGGTGGCTCCGCTGCTCAGGTGCTGAAGCGCGT 6223
 |||||||
 QY 5779 ATCCAAATGTGGAGCAGGTGAGGTGAGTGCACACAGCAGCAGTGCCTCAATGGTAGC 5838
 |||||||
 Db 6224 ATCCAAATGTGGAGCAGGTGAGGTGAGTGCACACAGCAGCAGTGCCTCAATGGTAGC 6283
 |||||||
 QY 5839 CAGTTGTACAAAGCCACCCCAAGCATTTGCCAAGCAACCATAGCTTGACCATGCTATC 5898
 |||||||
 Db 6284 CAGTTGTACAAAGCCACCCCAAGCATTTGCCAAGCAACCATAGCTTGACCATGCTATC 6343
 |||||||
 QY 5899 CACCAAAACGAATAATTAAGGCAATGACAGGATTTTCATCAGGATGGCGATGCCATG 5958
 |||||||
 Db 6344 CACCAAAACGAATAATTAAGGCAATGACAGGATTTTCATCAGGATGGCGATGCCATG 6403
 |||||||
 QY 5959 CCACAAGCCTTACATTCCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGTATTGCCACCCACAACGCT 6018
 |||||||
 Db 6404 CCACAAGCCTTACATTCCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGTATTGCCACCCACAACGCT 6463
 |||||||
 QY 6019 CAAGTGTGCGGTGCGAGTGTGCAAGCTGTGCAAGTGTGCAAGTGTGCAAGTGTGCAAG 6078
 |||||||
 Db 6464 CAAGTGTGCGGTGCGAGTGTGCAAGCTGTGCAAGTGTGCAAGTGTGCAAGTGTGCAAG 6523
 |||||||
 QY 6079 ATCAATGTTTACGCGGATTAACCAAGGCGCATAGGGGGGAGTTGGTGCAGGTTTTCAC 6138
 |||||||
 Db 6524 ATCAATGTTTACGCGGATTAACCAAGGCGCATAGGGGGGAGTTGGTGCAGGTTTTCAC 6583
 |||||||
 QY 6139 TTT 6141
 ||||
 Db 6584 TTT 6586

RESULT 9
 US-09-268-347-29
 ; Sequence 29, Application US/09268347
 ; Patent No. 6335182
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Loosmore, Sheena M.
 ; TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT HAEMOPHILUS INFLUENZAE ADHESIN PROTEINS
 ; FILE REFERENCE: 1038-860
 ; CURRENT FILING DATE: 1999-03-16
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 54
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
 ; SEQ ID NO 29
 ; LENGTH: 3030
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Haemophilus influenzae
 US-09-268-347-29

Query Match 2.4%; Score 146.2; DB 4; Length 3030;
 Best Local Similarity 58.4%; Pred. No. 4.8e-30;
 Matches 281; Conservative 0; Mismatches 188; Indels 12; Gaps 1;

QY 5659 AAATCTGACGCGACAGCAGGTACAAACCAACAGCAGGTGCACACCGGTTAAAGGC 5718
 |||||||
 Db 2540 AAATCTGATGTGATCGCGCGGTAAACACTGCTGCGGCAACGCGTAAACGCGC 2599
 |||||||
 QY 5719 TTTGCTGACAAAGCGCGTGTGGTGGCTCCGCTGCTCAGGTGCTGAAGCGCGT 5778
 |||||||
 Db 2600 TTTGCGGCTGCAACGCGCCACGCGTGGGTGCTGTGCGGCAAGTGGCGAAGAAAGACGT 2659
 |||||||
 QY 5779 ATCCAAATGTGGAGCAGGTGAGGTGAGTGCACACAGCAGCAGTGCCTCAATGGTAGC 5838
 |||||||
 Db 2660 ATCCAAAGCTGCGCGGAGGGAATTTCCGCTACTTCCACAGATGCGATTAAAGGTAGC 2719
 |||||||
 QY 5839 CAGTTGTACAAAGCCACCCCAAGCATTTGCCAAGCAACCATAGCTTGACCATGCTATC 5898
 |||||||
 Db 2720 CAGTTGTGCTGTGGCAAAAGGGGTAAACAAAC-----CTTGTGAGCAACTG 2767
 |||||||
 QY 5899 CACCAAAACGAATAATTAAGCCCAATGACAGGATTTTCATCAGGATGGCGATGCCATG 5958
 |||||||
 Db 2768 AATAAGTGGGCAACAGTGCAGATGCGGTACAGCAAGTGCATTAGCGCTTACAGTTA 2827
 |||||||
 QY 5959 CCACAAGCCTTACATTCCTGCGAGATCCATGGTTACCGGGGTATTGCCACCCACAACGCT 6018
 |||||||
 Db 2828 CCACAAGCCTTACATTCCTGCGAGTAAATCAATGTTTCTATTGCGGGAAGTATCAAGT 2887
 |||||||
 QY 6019 CAAGTGTGCGGTGCGAGTGTGCAAGCTGTGCAAGTGTGCAAGTGTGCAAGTGTGCAAG 6078
 |||||||
 Db 2888 CAAGTGTGCTGATGCTGCGGTATCAAGAAATTTCCGTAATGCAAGTATGATTATTCG 2947
 |||||||
 QY 6079 ATCAATGTTTACGCGGATTAACCAAGGCGCATAGGGGGGAGTTGGTGCAGGTTTTCAC 6138
 |||||||
 Db 2948 TTGTGAGGCAACCAATTAAGCAAGGTAAACAGCGTTGACAGCAGGTGTTTACAG 3007
 |||||||
 QY 6139 T 6139
 ||||
 Db 3008 T 3008

RESULT 10
 US-09-268-347-23
 ; Sequence 23, Application US/09268347
 ; Patent No. 6335182
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Loosmore, Sheena M.
 ; TITLE OF INVENTION: RECOMBINANT HAEMOPHILUS INFLUENZAE ADHESIN PROTEINS
 ; FILE REFERENCE: 1038-860
 ; CURRENT FILING DATE: 1999-03-16
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 54
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.0
 ; SEQ ID NO 23
 ; LENGTH: 3036

```

; TYPE: DNA
; ORGANISM: Haemophilus influenzae
US-09-268-347-23

```

```

Query Match      2.4%; Score 144.6; DB 4; Length 3036;
Best Local Similarity 58.2%; Pred. No. 1.3e-29;
Matches 280; Conservative 0; Mismatches 189; Indels 12; Gaps 1;

```

```

OY 5659 AATGTGACGACGACGAGTACACACACAGCAGGTGCAACCGGTACGTTAAAGGC 5718
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2555 AATCTGATGATGACGGCGGTGATACACTGCTGATGACAAAGCGGTACGTAACGCGC 2614
OY 5719 TTGCTGACAAAGCGGTTGGTGGTCTCGTGGTGGTCCGCAAGTGTGCAAGCCGT 5778
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2615 TTGCGCGGTGCAACGGCGACGCTGCGGTTTCTGTCGCGCAAGCGCGCAAGAAAGACGT 2674
OY 5779 ATCCAAATGTGCGACAGAGTGTAGTGTGACACAGCAGCAGATGCGGTCAATGTGTAGC 5838
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2675 ATCCAAAGCTGTGCGGACAGGCAAAATTTCCGCTACTTCCACCGATGCAATTAACGCGCAG 2734
OY 5839 CAGTTGTACAAAGCCCAAGCAATGTCGCAACGCAACCAATGAGTTCACATGCTATC 5898
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2735 CAGTTGTATGCGGTGCAAAAGGGGTAAACAAC-----CTTGTGACCAAGTG 2782
OY 5899 CACCAAAAGCAAAATTAAGGCAATGCGAGGATTTTCATCAGCATGCGATGCGGTCCATG 5958
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2783 AATAAGGTGCGCAACGTCAGATGACAGTACAGCAAGTGCATTTAGCGGCTTCACAGTTA 2842
OY 5959 CCACAAGCCTTACATTCCTGCGAGATCCATGTTACCGGGGGATTTGCCAACCAACGGT 6018
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2843 CCACAAGCCTTATGTGACAGTAAATCAATGTTTCTATTGCGGAGTAGTTATCAAGGT 2902
OY 6019 CAGGTGCGGTGCGCAGTGGGACTGTGAGAGTGTGCGATTAATGTCAATGGGATTTTAA 6078
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2903 CAAATGCTTATGCTATCGGGGTATCAAGAAATTTCCGATTAATGCGCAAGTGAATATTC 2962
OY 6079 ATCAATGTTTACAGCATGCCCAAGGCGCATGTAGGGGCGCAGATTGTGCAAGTTCAC 6138
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 2963 TTGTGACGACCAACCAATAGCCAAAGSTAAACAGCGGTTGACAGAGTGTGTTACCA 3022
OY 6139 T 6139
DB 3023 T 3023

RESULT 11
; Sequence 14, Application US/08913942
; Patent No. 6200578
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: St. Geme, Joseph
; APPLICANT: Barenkamp, Stephen J.
; TITLE OF INVENTION: HAEMOPHILUS ADHESION PROTEINS
; NUMBER OF SEQUENCES: 19
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Flehr Hobach Test Albritton & Herbert LLP
; STREET: Four Embarcadero Center, Suite 3400
; CITY: San Francisco
; STATE: California
; COUNTRY: United States
; ZIP: 94111-4187
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/913,942
; FILING DATE: 29-DEC-1997
; CLASSIFICATION: 514
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US 08/409,995
; FILING DATE: 24-MAR-1995

```

```

; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: PCT/US96/4031
; FILING DATE: 22-MAR-1996
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Vance, Dolly A.
; REGISTRATION NUMBER: 39,054
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: A-61053-1/RFT/RMS/DVA
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 781-1989
; TELEFAX: (415) 398-3249
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 14:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 2037 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: unknown
; TOPOLOGY: unknown
; MOLECULE TYPE: DNA
US-08-913-942-14

```

```

Query Match      1.4%; Score 83.6; DB 4; Length 2037;
Best Local Similarity 54.1%; Pred. No. 7.3e-13;
Matches 198; Conservative 0; Mismatches 159; Indels 9; Gaps 1;

```

```

OY 5783 AATATGCGACGAGGTGAGTGCAGTGCACACGACACGATGGGTCAATGTAGCCAGT 5842
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 1670 AAAAGCTGCGGCGACGGAATTTCTGCCATTCACCGATGCGATTAACGGAACCACT 1729
OY 5843 TGTAC-----AAAGCCACCAAGCAATGCCAACGCAACCAATGAGCTTGACCATC 5893
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 1730 TGTATGCGGTGCGCAAAAGGGGTAAACAACCTGTGACAAAGTGAATATCTTGAGGCA 1789
OY 5894 GTATCCACCAAAAGCAATTAAGCCCATGTCAGGAGTATTATACGATGCGCATGGCGT 5953
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 1790 AAGTGAATAAAGTGGGCAACGTCAGATGACGTACTGCAAGTGAATGATGCGGCTTAC 1849
OY 5954 CCATGCCACAGGCTCATCTGCGAGATCCATGTTACCGGGGGATTTGCCACCCACA 6013
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 1850 AGTTACCAAGGACCATATGTCAGAGTAAATCAATGTTTCTATTGCGGGAAGTAGTTATC 1909
OY 6014 ACGGTCAAGGTGCGGTGCGAGTGGAGCTGTGCAAGCTGTGGAATATGTCATGGGTAT 6073
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 1910 AAGGTCAAAATGTTAGTATGCGGGGTATCAAGAAATTTCCGATTAATGCGCAAGTAGT 1969
OY 6074 TTAATATCAATGTTACGCCGATACCAAGGCCATGTAGGGGCGCAGTTGTGACAGTT 6133
    ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| ||||| |||||
DB 1970 TTGCTGTGTCGACCAACCAATAGTCAAGTAAACAGCGGTTGACAGAGTGTGTTGTT 2029
OY 6134 TTCAGT 6139
DB 2030 ACCAGT 2035

```

```

RESULT 12
US-08-409-995-1
; Sequence 1, Application US/08409995
; Patent No. 5646259
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Barenkamp, Stephen J.
; APPLICANT: St. Geme III, Joseph W.
; TITLE OF INVENTION: Haemophilus Adhesion Proteins
; NUMBER OF SEQUENCES: 6
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Flehr, Hobach, Test, Albritton & Herbert
; STREET: Four Embarcadero Center, Suite 3400
; CITY: San Francisco
; STATE: CA
; COUNTRY: USA
; ZIP: 94111-4187
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

```



```

SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/409,995
FILING DATE: 24-MAR-1995
CLASSIFICATION:
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Silva, Robin M.
REGISTRATION NUMBER: 38,304
REFERENCE/DOCKET NUMBER: A-61053/RFT
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (415) 781-1989
TELEFAX: (415) 398-3249
TELEX: 910 277299
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3294 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: double
TOPOLOGY: unknown
US-08-409-995-1

```

```

Query Match      1.3%  Score 82.8; DB 1; Length 3294;
Best Local Similarity 49.8%; Pred. No. 1.6e-12;
Matches 244; Conservative 0; Mismatches 237; Indels 9; Gaps 1;

```

```

QY 5659 AATCTGACGCGACAGAGGTACACCAACAGCAGGAGTGCACCGGTAAAGGC 5718
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2803 AAGCTGACGGTACTCGGATTAACCAAGCGAAGTACGATTAAGTTCTAC 2862
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5719 TTTGCTGACCAAGCGCGTGTGCGGCTTCCTCGGTGCTCAGGTGACCCGT 5778
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2863 GATGAAAAACAGTTGTCAGCCTTGATCAATGATCAATAAGGTAAGTGTG 2922
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5779 ATCCAAATGTGGCAGCAGTGTGAGTGTGACACACAGCAGTGTGATGTAGC 5838
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2923 ATTGCAATGTGGGTAAATGGGATTTCTGCACTTCCACGATGCCATTAACG 2982
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5839 CAGTTGTAC-----AAAGCCACCAAGATGTCACCAAGCAATGAGCTT 5889
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2983 CAGTTGTATGCTGTGGCAAAAGGGGTAAACCTTCTGACAGATTAATCT 3042
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5890 CATGCTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGCCAAATGAGGATTTTCATCCG 5949
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3043 GCGAAAGTAATTAAGTGGCAAGCTGACAGTGTGACAGCAAGTACCTTAC 3102
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5950 GCGTCAATGCCACCAAGCTTACCTGTGCGAATGATGTTACCGGGGATTT 6009
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3103 TCACAGTTACCAACAGCACTATGCGAGTAAATCAATGTTGATTCGGAAG 3162
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6010 CACAACGCTCAAGTGGCGGTGGAGTGTGCAAGTGTGCGATTAATGTCAT 6069
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3163 TATCAAGTCAAAATGTTTGTATCGGGGTATCAAGATTTCCGATTAATG 3222
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6070 GTATTAAATCAATGTTTGTGCGGATTCGCAAGGCCATGTAAGGGCGG 6129
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3223 ATTATTCGCTGTGACGACCAACCAATAGTCAAGTAACAGGGGTTCAGAG 3282
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6130 GGTTTTCACT 6139
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3283 GGTTCACAGT 3292
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

```

RESULT 13
US-08-685-467-1
Sequence 1, Application US/08685467
Patent No. 6060059
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: St. Geme III, Joseph W.
APPLICANT: Barenkamp, Stephen J.
TITLE OF INVENTION: HAEMOPHILUS ADHESION PROTEINS
NUMBER OF SEQUENCES: 6
CORRESPONDENCE ADDRESS:
ADDRESSEE: Flehr, Hohbach, Test, Albritton & Herbert

```

```

SCREEN: Four Embarcadero Center, Suite 3400
CITY: San Francisco
STATE: California
COUNTRY: United States
ZIP: 94111-4187
COMPUTER READABLE FORM:
MEDIUM TYPE: Floppy disk
COMPUTER: IBM PC compatible
OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
SOFTWARE: Patentin Release #1.0, Version #1.30
CURRENT APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US/08/685,467
FILING DATE: 22-JUL-1996
CLASSIFICATION: 424
PRIOR APPLICATION DATA:
APPLICATION NUMBER: US 08/409,995
FILING DATE: 24-MAR-1995
ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
NAME: Silva, Robin M.
REGISTRATION NUMBER: 38,304
REFERENCE/DOCKET NUMBER: A-61053-2/RFT/RMS
TELECOMMUNICATION INFORMATION:
TELEPHONE: (415) 781-1989
TELEFAX: (415) 398-3249
TELEX: 910 277299
INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
SEQUENCE CHARACTERISTICS:
LENGTH: 3294 base pairs
TYPE: nucleic acid
STRANDEDNESS: unknown
TOPOLOGY: unknown
MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
US-08-685-467-1

```

```

Query Match      1.3%  Score 82.8; DB 3; Length 3294;
Best Local Similarity 49.8%; Pred. No. 1.6e-12;
Matches 244; Conservative 0; Mismatches 237; Indels 9; Gaps 1;

```

```

QY 5659 AATCTGACGCGACAGAGGTACACCAACAGCAGGAGTGCACCGGTAAAGGC 5718
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2803 AAGCTGACGGTACTCGGATTAACCAAGCGAAGTACGATTAAGTTCTAC 2862
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5719 TTTGCTGACCAAGCGCGTGTGCGGCTTCCTCGGTGCTCAGGTGACCCGT 5778
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2863 GATGAAAAACAGTTGTCAGCCTTGATCAATGATCAATAAGGTAAGTGTG 2922
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5779 ATCCAAATGTGGCAGCAGTGTGAGTGTGACACACAGCAGTGTGATGTAGC 5838
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2923 ATTGCAATGTGGGTAAATGGGATTTCTGCACTTCCACGATGCCATTAACG 2982
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5839 CAGTTGTAC-----AAAGCCACCAAGCAATGTCACCAAGCAATGAGCTT 5889
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2983 CAGTTGTATGCTGTGGCAAAAGGGGTAAACCTTGTGACAGCAATGATCT 3042
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5890 CATGCTATCCACCAAAAGCAAAATTAAGCCAAATGAGGATTTTCATCAG 5949
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 2983 CAGTTGTATGCTGTGGCAAAAGGGGTAAACCTTGTGACAGCAATGATCT 3042
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 5950 GCGTCAATGCCACCAAGCTTACCTGTGCGAATGATGTTACCGGGGATTT 6009
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3043 GCGAAAGTAATTAAGTGGCAAGCTGACAGTGTGACAGCAAGTATGCGG 3102
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6070 GTATTAAATCAATGTTTGTGCGGATTCGCAAGGCCATGTAAGGGCGG 6129
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3223 ATTATTCGCTGTGACGACCAACCAATAGTCAAGTAACAGGGGTTCAGAG 3282
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
QY 6130 GGTTTTCACT 6139
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
DB 3283 GGTTCACAGT 3292
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```


Tue Mar 18 09:12:27 2003

us-09-361-619-6.rni

Page 30

Db 3283 GGTACACT 3292

Search completed: March 17, 2003, 06:03:33
Job time : 332.167 secs